

EXHIBIT C

BLAST**Basic Local Alignment Search Tool**

•

[Edit and Resubmit](#) [Save Search Strategies](#) [Formatting options](#) [Download](#)

Blast 2 sequences

CQ918598:Sequence 15 from Patent WO2004096842Results for: ▼

Your BLAST job specified more than one input sequence. This box lets you choose which input sequence to show BLAST results for.

Query ID

[gi|56208614|emb|CQ918598.1|](#)
[gi|56208614|emb|CQ918598.1|](#)

Description

Sequence 15 from Patent WO2004096842.

Molecule type

dna

Query Length

29751

Subject ID

2 subjects

Description**Molecule type**

nucleic acid

Subject Length

n/a

ProgramBLASTN 2.2.23+ [Citation](#)**Reference**

Zheng Zhang, Scott Schwartz, Lukas Wagner, and Webb Miller (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA sequences", J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14.

Other reports: [Search Summary](#) [Taxonomy reports](#) [Distance tree of results](#)
[Search Parameters](#)**Search parameter name Search parameter value**

Program	blastn
Word size	28
Expect value	10
Hitlist size	100
Match/Mismatch scores	1,-2
Gapcosts	0,0
Low Complexity Filter	Yes
Filter string	L;m;
Genetic Code	1

Karlin-Altschul statistics

Params Ungapped Gapped

Lambda	1.33271	1.28
K	0.620991	0.46

EXHIBIT C

H 1.12409 0.85

Results Statistics

Results Statistics parameter name Results Statistics parameter value

Effective search space	883605330
------------------------	-----------

Graphic Summary

Distribution of 2 Blast Hits on the Query Sequence

[?]

An overview of the database sequences aligned to the query sequence is shown. The score of each alignment is indicated by one of five different colors, which divides the range of scores into five groups. Multiple alignments on the same database sequence are connected by a striped line. Mousing over a hit sequence causes the definition and score to be shown in the window at the top, clicking on a hit sequence takes the user to the associated alignments. New: This graphic is an overview of database sequences aligned to the query sequence. Alignments are color-coded by score, within one of five score ranges. Multiple alignments on the same database sequence are connected by a dashed line. Mousing over an alignment shows the alignment definition and score in the box at the top. Clicking an alignment displays the alignment detail.

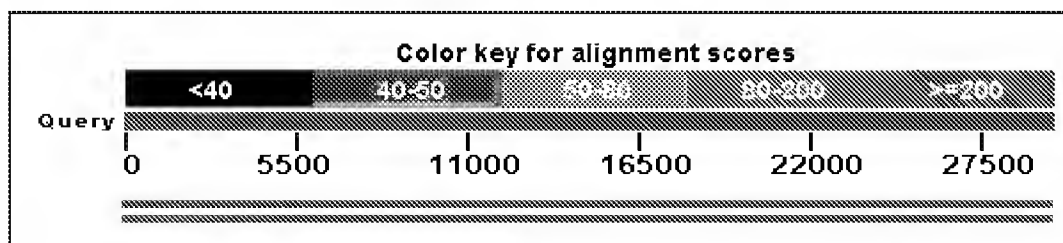


EXHIBIT C

Descriptions

Legend for links to other resources:  UniGene  GEO  Gene  Structure  Map Viewer
Sequences producing significant alignments:

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident	Links
EA133160.1	Sequence 1 from patent US 7220852	5.485e+04	5.485e+04	99%	0.0	99%	
AY278491.2	SARS coronavirus HKU-39849, complete genome	5.486e+04	5.486e+04	99%	0.0	99%	

Alignments

Select All [Get selected sequences](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#)

Query	1	ATATTAGGTTTTTACCTACCCAGGAAAAGCCAACCAACCTCGATCTCTTGTAGATCTGTT	60
EA133160	2	60
AY278491	1	60
Query	61	CTCTAAACGAACCTTTAAAAATCTGTGTAGCTGTCGCTCGGCTGCATGCC TAGTGCACCTAC	120
EA133160	61	120
AY278491	61	120
Query	121	GCAGTATAAACAATAATAAATTTTACTGTCGTTGACAAGAAACGAGTAACTCGTCCCTCT	180
EA133160	121	180
AY278491	121	180
Query	181	TCTGCAGACTGCTTACGGTTTCGTCCGTGTTGCAGTCGATCATCAGCATACCTAGGTTTC	240
EA133160	181	240
AY278491	181	240
Query	241	GTCCGGGTGTGACCGAAAAGGTAAGATGGAGAGCCTTGTTCTTGGTGTCAACGAGAAAACA	300
EA133160	241	300
AY278491	241	300
Query	301	CACGTCCAACCTCAGTTTGCTGTCTTCAGGTTAGAGACGTGCTAGTGCCTGGCTTCGGG	360
EA133160	301	360
AY278491	301	360
Query	361	GACTCTGTGGAAGAGGCCCTATCGGAGGCACGTGAACACCTCAAAAATGGCACTTGTGGT	420
EA133160	361	420
AY278491	361	420
Query	421	CTAGTAGAGCTGGAAAAAGGCGTACTGCCCCAGCTTGAACAGCCCTATGTGTTTCATTAA	480
EA133160	421	480
AY278491	421	480
Query	481	CGTTCTGATGCCTTAAGCACCAATCACGGCCACAAGGTCGTTGAGCTGGTTGCAGAAATG	540
EA133160	481	540
AY278491	481	540
Query	541	GACGGCATTTCAGTACGGTCGTAGCGGTATAACACTGGGAGTACTCGTGCCACATGTGGGC	600
EA133160	541	600
AY278491	541	600

EXHIBIT C

Query	601	GAAACCCCAATTGCATACCGCAATGTTCTTCTTCGTAAGAACGGTAATAAGGGAGCCGGT	660
EA133160	601	660
AY278491	601	660
Query	661	GGTCATAGCTATGGCATCGATCTAAAGTCTTATGACTTAGGTGACGAGCTTGGCACTGAT	720
EA133160	661	720
AY278491	661	720
Query	721	CCCATTGAAGATTATGAACAAAACCTGGAACACTAAGCATGGCAGTGGTGCACTCCGTGAA	780
EA133160	721	780
AY278491	721	780
Query	781	CTCACTCGTGAGCTCAATGGAGGTGCAGTCACTCGCTATGTCGACAACAATTTCTGTGGC	840
EA133160	781	840
AY278491	781	840
Query	841	CCAGATGGGTACCCTCTTGATTGCATCAAAGATTTTCTCGCACGCGCGGGCAAGTCAATG	900
EA133160	841	900
AY278491	841	900
Query	901	TGCACTCTTTCCGAACAACCTTGATTACATCGAGTCGAAGAGAGGTGTCTACTGCTGCCGT	960
EA133160	901	960
AY278491	901	960
Query	961	GACCATGAGCATGAAATTGCCTGGTTCACTGAGCGCTCTGATAAGAGCTACGAGCACCAG	1020
EA133160	961	1020
AY278491	961	1020
Query	1021	ACACCCCTTCGAAATTAAGAGTGCCAAGAAATTTGACACTTTCAAAGGGGAATGCCCAAAG	1080
EA133160	1021	1080
AY278491	1021	1080
Query	1081	TTGTGTTTCTCTTAAC TCAAAGTCAAAGTCATTCAACCACGTGTTGAAAAGAAAAAG	1140
EA133160	1081	1140
AY278491	1081	1140
Query	1141	ACTGAGGGTTTCATGGGGCGTATACGCTCTGTGTACCCTGTTGCATCTCCACAGGAGTGT	1200
EA133160	1141	1200
AY278491	1141	1200
Query	1201	AACAATATGCACTTGCTACCTTGATGAAATGTAATCATTGCGATGAAGTTTCATGGCAG	1260
EA133160	1201	1260
AY278491	1201	1260
Query	1261	ACGTGCGACTTTCTGAAAGCCACTTGTTGAACATTGTGGCACTGAAAATTTAGTTATTGAA	1320
EA133160	1261	1320
AY278491	1261	1320
Query	1321	GGACCTACTACATGTGGGTACCTACCTACTAATGCTGTAGTGAAAATGCCATGTCCTGCC	1380
EA133160	1321	1380
AY278491	1321	1380
Query	1381	TGTCAAGACCCAGAGATTGGACCTGAGCATAGTGTTCAGATTATCACAACCACTCAAAC	1440
EA133160	1381	1440
AY278491	1381	1440
Query	1441	ATTGAAACTCGACTCCGCAAGGGAGGTAGGACTAGATGTTTTGGAGGCTGTGTGTTTGCC	1500
EA133160	1441	1500
AY278491	1441	1500
Query	1501	TATGTTGGCTGCTATAATAAGCGTGCCTACTGGGTTCTCTCGTGCTAGTGCTGATATTGGC	1560
EA133160	1501	1560
AY278491	1501	1560
Query	1561	TCAGGCCATACTGGCATTACTGGTGACAATGTGGAGACCTTGAATGAGGATCTCCTTGAG	1620
EA133160	1561	1620
AY278491	1561	1620
Query	1621	ATACTGAGTCGTGAACGTGTTAACATTACATTGTTGGCGATTTTCATTTGAATGAAGAG	1680
EA133160	1621	1680
AY278491	1621	1680
Query	1681	GTTGCCATCATTTTGGCATCTTTCTCTGCTTCTACAAGTGCCTTTATTGACACTATAAAG	1740
EA133160	1681	1740
AY278491	1681	1740
Query	1741	AGTCTTGATTACAAGTCTTTCAAACCATTGTTGAGTCCTGCGGTAACATAAAGTTACC	1800
EA133160	1741	1800
AY278491	1741	1800

EXHIBIT C

Query	1801	AAGGGAAAGCCCGTAAAAGGTGCTTGGAACATTGGACAACAGAGATCAGTTTTTAACACCA	1860
EA133160	1801	1860
AY278491	1801	1860
Query	1861	CTGTGTGGTTTTCCCTCAGAGGCTGCTGGTGTTATCAGATCAATTTTTGCGCGCACACTT	1920
EA133160	1861	1920
AY278491	1861	1920
Query	1921	GATGCAGCAAACCACTCAATTCCTGATTGCAAAGAGCAGCTGTCACCATACTTGATGGT	1980
EA133160	1921	1980
AY278491	1921	1980
Query	1981	ATTTCTGAACAGTCATTACGTCTTGTCGACGCCATGGTTTATACTTCAGACCTGCTCACC	2040
EA133160	1981	2040
AY278491	1981	2040
Query	2041	AACAGTGTCAATTATTATGGCATATGTAACGGTGGTCTTGTACAACAGACTTCTCAGTGG	2100
EA133160	2041	2100
AY278491	2041	2100
Query	2101	TTGTCTAATCTTTTGGGCACTACTGTTGAAAACTCAGGCCTATCTTTGAATGGATTGAG	2160
EA133160	2101	2160
AY278491	2101	2160
Query	2161	GCGAAACTTAGTGCAGGAGTTGAATTTCTCAAGGATGCTTGGGAGATTCTCAAATTTCTC	2220
EA133160	2161	2220
AY278491	2161	2220
Query	2221	ATTACAGGTGTTTTTGACATCGTCAAGGGTCAAATACAGGTTGCTTCAGATAACATCAAG	2280
EA133160	2221	2280
AY278491	2221	2280
Query	2281	GATTGTGTAAATGCTTCATTGATGTTGTTAAACAAGGCACTCGAAATGTGCATTGATCAA	2340
EA133160	2281	2340
AY278491	2281	2340
Query	2341	GTCATATCGCTGGCGCAAAGTTGCGATCACTCAACTTAGGTGAAGTCTTCATCGCTCAA	2400
EA133160	2341	2400
AY278491	2341	2400
Query	2401	AGCAAGGGACTTTACCGTCAGTGTATACGTGGCAAGGAGCAGCTGCAACTACTCATGCCT	2460
EA133160	2401	2460
AY278491	2401	2460
Query	2461	CTTAAGGCACCAAAGAAGTAACCTTTCTTGAAGGTGATTACATGACACAGTACTTACC	2520
EA133160	2461	2520
AY278491	2461	2520
Query	2521	TCTGAGGAGGTTGTTCTCAAGAACGGTGAACCTCGAAGCACTCGAGACGCCCGTTGATAGC	2580
EA133160	2521	2580
AY278491	2521	2580
Query	2581	TTCACAAATGGAGCTATCGTTGGCACACCAGTCTGTGTAAATGGCCTCATGCTCTTAGAG	2640
EA133160	2581	2640
AY278491	2581	2640
Query	2641	ATTAAGGACAAAGAACAATACTGCGCATTGTCTCTGGTTTACTGGCTACAAACAATGTC	2700
EA133160	2641	2700
AY278491	2641	2700
Query	2701	TTTCGCTTAAAAGGGGTGCACCAATTAAAGGTGTAACCTTTGGAGAAGATACTGTTTGG	2760
EA133160	2701	2760
AY278491	2701	2760
Query	2761	GAAGTTCAAGGTTACAAGAATGTGAGAATCACATTTGAGCTTGATGAACGTGTTGACAAA	2820
EA133160	2761	2820
AY278491	2761	2820
Query	2821	GTGCTTAATGAAAAGTGCTCTGTCTACACTGTTGAATCCGGTACCGAAGTTACTGAGTTT	2880
EA133160	2821	2880
AY278491	2821	2880
Query	2881	GCATGTGTTGTAGCAGAGGCTGTTGTGAAGACTTTACAACCAGTTTCTGATCTCCTTACC	2940
EA133160	2881	2940
AY278491	2881	2940
Query	2941	AACATGGGTATTGATCTTGATGAGTGGAGTGTAGCTACATTCTACTTATTGATGATGCT	3000
EA133160	2941	3000
AY278491	2941	3000
Query	3001	GGTGAAGAAACTTTTCATCACGTATGTATTGTTCTTTTACCCTCCAGATGAGGAAGAA	3060

EXHIBIT C

EA133160	3001	3060
AY278491	3001	3060
Query	3061	GAGGACGATGCAGAGTGTGAGGAAGAAGAAATTGATGAAACCTGTGAACATGAGTACGGT	3120
EA133160	3061	3120
AY278491	3061	3120
Query	3121	ACAGAGGATGATTATCAAGGTCTCCCTCTGGAATTTGGTGCCTCAGCTGAAACAGTTCGA	3180
EA133160	3121	3180
AY278491	3121	3180
Query	3181	GTTGAGGAAGAAGAAGAGGAAGACTGGCTGGATGATACTACTGAGCAATCAGAGATTGAG	3240
EA133160	3181	3240
AY278491	3181	3240
Query	3241	CCAGAACCAGAACCTACACCTGAAGAACCAGTTAATCAGTTTACTGGTTATTTAAACTT	3300
EA133160	3241	3300
AY278491	3241	3300
Query	3301	ACTGACAATGTTGCCATTAAATGTGTTGACATCGTTAAGGAGGCACAAAGTGCTAATCCT	3360
EA133160	3301	3360
AY278491	3301	3360
Query	3361	ATGGTGATTGTAAATGCTGCTAACATACACCTGAAACATGGTGGTGGTGTAGCAGGTGCA	3420
EA133160	3361	3420
AY278491	3361	3420
Query	3421	CTCAACAAGGCAACCAATGGTGCCATGCAAAAGGAGAGTGATGATTACATTAAGCTAAAT	3480
EA133160	3421	3480
AY278491	3421	3480
Query	3481	GGCCCTCTTACAGTAGGAGGGTCTTGTGTTGCTTCTGGACATAATCTTGCTAAGAAGTGT	3540
EA133160	3481	3540
AY278491	3481	3540
Query	3541	CTGCATGTTGTTGGACCTAACCTAAATGCAGGTGAGGACATCCAGCTTCTTAAGGCAGCA	3600
EA133160	3541	3600
AY278491	3541	3600
Query	3601	TATGAAAATTTCAATTCACAGGACATCTTACTTGCACCATTGTTGTCAGCAGGCATATTT	3660
EA133160	3601	3660
AY278491	3601	3660
Query	3661	GGTGCTAAACCACTTCAGTCTTTACAAGTGTGCGTGCAGACGGTTCGTACACAGGTTTAT	3720
EA133160	3661	3720
AY278491	3661	3720
Query	3721	ATTGCAGTCAATGACAAAGCTCTTTATGAGCAGGTTGTCATGGATTATCTTGATAACCTG	3780
EA133160	3721	3780
AY278491	3721	3780
Query	3781	AAGCCTAGAGTGGAAGCACCTAAACAAGAGGAGCCACCAACACAGAAGATTCCAAACT	3840
EA133160	3781	3840
AY278491	3781	3840
Query	3841	GAGGAGAAATCTGTCGTACAGAAGCCTGTCGATGTGAAGCCAAAAATTAAGGCCTGCATT	3900
EA133160	3841	3900
AY278491	3841	3900
Query	3901	GATGAGGTTACCACAACACTGGAAGAAACTAAGTTTCTTACCAATAAGTTACTCTTGTTT	3960
EA133160	3901	3960
AY278491	3901	3960
Query	3961	GCTGATATCAATGGTAAGCTTTACCATGATTCTCAGAACATGCTTAGAGGTGAAGATATG	4020
EA133160	3961	4020
AY278491	3961	4020
Query	4021	TCTTTCCTTGAGAAGGATGCACCTTACATGGTAGGTGATGTTATCACTAGTGGTGATATC	4080
EA133160	4021	4080
AY278491	4021	4080
Query	4081	ACTTGTGTTGTAATACCCTCCAAAAAGGCTGGTGGCACTACTGAGATGCTCTCAAGAGCT	4140
EA133160	4081	4140
AY278491	4081	4140
Query	4141	TTGAAGAAAGTGCCAGTTGATGAGTATATAACCACGTACCCTGGACAAGGATGTGCTGGT	4200
EA133160	4141	4200
AY278491	4141	4200
Query	4201	TATACACTTGAGGAAGCTAAGACTGCTCTTAAGAAATGCAAATCTGCATTTTATGTACTA	4260
EA133160	4201	4260

EXHIBIT C

AY278491	4201	4260
Query	4261	CCTTCAGAAGCACCTAATGCTAAGGAAGAGATTCTAGGAACGTATCCTGGAATTTGAGA	4320
EA133160	4261	4320
AY278491	4261	4320
Query	4321	GAAATGCTTGCTCATGCTGAAGAGACAAGAAAATTAATGCCTATATGCATGGATGTTAGA	4380
EA133160	4321	4380
AY278491	4321	4380
Query	4381	GCCATAATGGCAACCATCCAACGTAAGTATAAAGGAATTAAAATTCAGAGGGCATCGTT	4440
EA133160	4381	4440
AY278491	4381	4440
Query	4441	GACTATGGTGTCCGATTCTTCTTTTATACTAGTAAAGAGCCTGTAGCTTCTATTATTACG	4500
EA133160	4441	4500
AY278491	4441	4500
Query	4501	AAGCTGAACCTCTCTAAATGAGCCGCTTGTCACAATGCCAATTGGTTATGTGACACATGGT	4560
EA133160	4501	4560
AY278491	4501	4560
Query	4561	TTTAATCTTGAAGAGGCTGCGCGCTGTATGCGTTCTCTTAAAGCTCCTGCCGTAGTGTCA	4620
EA133160	4561	4620
AY278491	4561	4620
Query	4621	GTATCATCACCAGATGCTGTTACTACATATAATGGATACCTCACTTCGTCATCAAAGACA	4680
EA133160	4621	4680
AY278491	4621	4680
Query	4681	TCTGAGGAGCACTTTGTAGAAACAGTTTCTTTGGCTGGCTCTTACAGAGATTGGTCCTAT	4740
EA133160	4681	4740
AY278491	4681	4740
Query	4741	TCAGGACAGCGTACAGAGTTAGGTGTTGAATTTCTTAAGCGTGGTGACAAAATTGTGTAC	4800
EA133160	4741	4800
AY278491	4741	4800
Query	4801	CACACTCTGGAGAGCCCCGTCGAGTTTCATCTTGACGGTGAGGTTCTTTCACCTGACAAA	4860
EA133160	4801	4860
AY278491	4801	4860
Query	4861	CTAAAGAGTCTCTTATCCCTGCGGGAGGTTAAGACTATAAAAGTTTCACAACCTGTGGAC	4920
EA133160	4861	4920
AY278491	4861	4920
Query	4921	AACACTAATCTCCACACACAGCTTGTGGATATGCTATGACATATGGACAGCAGTTTGGT	4980
EA133160	4921	4980
AY278491	4921	4980
Query	4981	CCAACATACTTGGATGGTGCTGATGTTACAAAAATTAAACCTCATGTAAATCATGAGGGT	5040
EA133160	4981	5040
AY278491	4981	5040
Query	5041	AAGACTTTCTTTGTACTACCTAGTGATGACACACTACGTAGTGAAGCTTTTCGAGTACTAC	5100
EA133160	5041	5100
AY278491	5041	5100
Query	5101	CATACTCTTGATGAGAGTTTTCTTGGTAGGTACATGTCTGCTTTAAACCACACAAAGAAA	5160
EA133160	5101	5160
AY278491	5101	5160
Query	5161	TGGAAATTTCTCAAGTTGGTGGTTTAACTTCAATTAAATGGGCTGATAACAATTGTTAT	5220
EA133160	5161	5220
AY278491	5161	5220
Query	5221	TTGTCTAGTGTTTTATTAGCACTTCAACAGCTTGAAGTCAAATTCAATGCACCAGCACTT	5280
EA133160	5221	5280
AY278491	5221	5280
Query	5281	CAAGAGGCTTATTATAGAGCCCGTGCTGGTGATGCTGCTAACTTTGTGCACTCATACTC	5340
EA133160	5281	5340
AY278491	5281	5340
Query	5341	GCTTACAGTAATAAACTGTTGGCGAGCTTGGTGATGTCAGAGAACTATGACCCATCTT	5400
EA133160	5341	5400
AY278491	5341	5400
Query	5401	CTACAGCATGCTAATTTGGAATCTGCAAAGCGAGTTCTTAATGTGGTGTGTAAACATTGT	5460
EA133160	5401	5460
AY278491	5401	5460

EXHIBIT C

Query	5461	GGTCAGAAAAC TACTACCTTAACGGGTGTAGAAGCTGTGATGTATATGGGTACTCTATCT	5520
EA133160	5461	5520
AY278491	5461	5520
Query	5521	TATGATAATCTTAAGACAGGTGTTTCCATTCCATGTGTGTGTGGTCGTGATGCTACACAA	5580
EA133160	5521	5580
AY278491	5521	5580
Query	5581	TATCTAGTACAACAAGAGTCTTCTTTTGTATGATGTCTGCACCACCTGCTGAGTATAAA	5640
EA133160	5581	5640
AY278491	5581	5640
Query	5641	TTACAGCAAGGTACATTCTTATGTGCGAATGAGTACACTGGTAACTATCAGTGTGGTCAT	5700
EA133160	5641	5700
AY278491	5641	5700
Query	5701	TACACTCATATAACTGCTAAGGAGACCCTCTATCGTATTGACGGAGCTCACCTTACAAAG	5760
EA133160	5701	5760
AY278491	5701	5760
Query	5761	ATGTCAGAGTACAAAGGACCAGTGACTGATGTTTCTACAAGGAAACATCTTACACTACA	5820
EA133160	5761	5820
AY278491	5761	5820
Query	5821	ACCATCAAGCCTGTGTCGTATAAACTCGATGGAGTTACTTACACAGAGATTGAACCAAAA	5880
EA133160	5821	5880
AY278491	5821	5880
Query	5881	TTGGATGGGTATTATAAAAAAGGATAATGCCTTACTATACAGAGCAGCCTATAGACCTTGTA	5940
EA133160	5881	5940
AY278491	5881	5940
Query	5941	CCAACTCAACCATTACCAAATGCGAGTTTGTATAATTTCAAAC TCACATGTTCTAACACA	6000
EA133160	5941	6000
AY278491	5941	6000
Query	6001	AAATTTGCTGTATGATTTAAATCAAATGACAGGCTTCACAAAGCCAGCTTCACGAGAGCTA	6060
EA133160	6001	6060
AY278491	6001	6060
Query	6061	TCTGTCACATTCTTCCCAGACTTGAATGGCGATGTAGTGGCTATTGACTATAGACACTAT	6120
EA133160	6061	6120
AY278491	6061	6120
Query	6121	TCAGCGAGTTTCAAGAAAGGTGCTAAATTACTGCATAAGCCAATTGTTTGGCACATTAAC	6180
EA133160	6121	6180
AY278491	6121	6180
Query	6181	CAGGCTACAACCAAGACAACGTTCAAACCAAACACTTGGTGTTTACGTTGTCTTTGGAGT	6240
EA133160	6181	6240
AY278491	6181	6240
Query	6241	ACAAAGCCAGTAGATACTTCAAATTCATTGAGTTCTGGCAGTAGAAGACACACAAGGA	6300
EA133160	6241	6300
AY278491	6241	6300
Query	6301	ATGGACAATCTTGCTTGTGAAAGTCAACAACCCACCTCTGAAGAAGTAGTGGAAAATCCT	6360
EA133160	6301	6360
AY278491	6301	6360
Query	6361	ACCATACAGAAGGAAGTCATAGAGTGTGACGTGAAAAC TACGAAGTTGTAGGCAATGTC	6420
EA133160	6361	6420
AY278491	6361	6420
Query	6421	ATACTTAAACCATCAGATGAAGGTGTTAAAGTAACACAAGAGTTAGGTCATGAGGATCTT	6480
EA133160	6421	6480
AY278491	6421	6480
Query	6481	ATGGCTGCTTATGTGAAAAACACAAGCATTACCATTAAGAAACCTAATGAGCTTTCAC TA	6540
EA133160	6481	6540
AY278491	6481	6540
Query	6541	GCCTTAGGTTTAAAAACAATTGCCACTCATGGTATTGCTGCAATTAATAGTGTTCCCTTG G	6600
EA133160	6541	6600
AY278491	6541	6600
Query	6601	AGTAAATTTTGGCTTATGTCAAACCATCTTAGGACAAGCAGCAATTACAACATCAAAT	6660
EA133160	6601	6660
AY278491	6601	6660

EXHIBIT C

Query	6661	TGCGCTAAGAGATTAGCACAAACGTGTGTTTAAACAATTATATGCCTTATGTGTTTACATTA	6720
EA133160	6661	6720
AY278491	6661	6720
Query	6721	TTGTTCCAATTGTGTACTTTTACTAAAAGTACCAATTCTAGAATTAGAGCTTCACTACCT	6780
EA133160	6721	6780
AY278491	6721	6780
Query	6781	ACAAC TATTGCTAAAAATAGTGTTAAGAGTGTGCTAAATTATGTTTGGATGCCGGCATT	6840
EA133160	6781	6840
AY278491	6781	6840
Query	6841	AATTATGTGAAGTCACCCAAATTTTCTAAATTGTTTACAATCGCTATGTGGCTATTGTTG	6900
EA133160	6841	6900
AY278491	6841	6900
Query	6901	TTAAGTATTTGCTTAGGTTCTCTAATCTGTGTAAGTGTGCTGCTTTTGGTGTACTCTTATCT	6960
EA133160	6901	6960
AY278491	6901	6960
Query	6961	AATTTTGGTGTCTCCTTCTTATTGTAATGGCGTTAGAGAATTGTATCTTAATTCGTCTAAC	7020
EA133160	6961	7020
AY278491	6961	7020
Query	7021	GTTACTACTATGGATTTCCTGTGAAGGTTCTTTTCCTTG CAGCATTGTTTAAAGTGGATTA	7080
EA133160	7021	7080
AY278491	7021	7080
Query	7081	GACTCCCTTGATTCTTATCCAGCTCTTGAAACCATT CAGGTGACGATTT CATCGTACAAG	7140
EA133160	7081	7140
AY278491	7081	7140
Query	7141	CTAGACTTGACAATTTTAGGTCTGGCCGCTGAGTGGGTTTGGCATAATGTTGTTT CACA	7200
EA133160	7141	7200
AY278491	7141	7200
Query	7201	AAATTC TTTTATTTATTAGGTCTTTCAGCTATAATGCAGGTGTTCTTTGGCTATTTTGCT	7260
EA133160	7201	7260
AY278491	7201	7260
Query	7261	AGTCATTT CATCAGCAATTCTTGGCTCATGTGGTTTATCATTAGTATTGTACAAATGGCA	7320
EA133160	7261	7320
AY278491	7261	7320
Query	7321	CCCGTTTCTGCAATGGTTAGGATGTACATCTTCTTTGCTTCTTTCTACTACATATGGAAG	7380
EA133160	7321	7380
AY278491	7321	7380
Query	7381	AGCTATGTT CATATCATGGATGGTTGCACCTCTTCGACTTGCATGATGTGCTATAAGCGC	7440
EA133160	7381	7440
AY278491	7381	7440
Query	7441	AATCGTGCCACACGCGTTGAGTGTACAAC TATTGTTAATGGCATGAAGAGATCTTTCTAT	7500
EA133160	7441	7500
AY278491	7441	7500
Query	7501	GTCTATGCAAATGGAGGCCGTGGCTTCTGCAAGACTCACAATTGGAATTGTCTCAATTGT	7560
EA133160	7501	7560
AY278491	7501	7560
Query	7561	GACACATTTTGC ACTGGTAGTACATT CATTAGTGATGAAGTTGCTCGTGATTTGTCAC TC	7620
EA133160	7561	7620
AY278491	7561	7620
Query	7621	CAGTTTAAAAGACCAATCAACCCTACTGACCAGTCATCGTATATTGTTGATAGTGTGCT	7680
EA133160	7621	7680
AY278491	7621	7680
Query	7681	GTGAAAAATGGCGCGCTTCACCTCTACTTTGACAAGGCTGGTCAAAGACCTATGAGAGA	7740
EA133160	7681	7740
AY278491	7681	7740
Query	7741	CATCCGCTCTCCCATTTTGTCAATTTAGACAATTTGAGAGCTAACAAACACTAAAGGTTCA	7800
EA133160	7741	7800
AY278491	7741	7800
Query	7801	CTGCC TATTAATGTCATAGTTTTTGATGGCAAGTCCAAATGCGACGAGCTGCTTCTAAG	7860
EA133160	7801	7860
AY278491	7801	7860
Query	7861	TCTGCTTCTGTGTACTACAGTCAGCTGATGTGCCAACCTATTCTGTTGCTTGACCAAGCT	7920

EXHIBIT C

EA133160	7861T	7920
AY278491	7861T	7920
Query	7921	CTTGATCAGCGTTGGAGATAGTACTGAAGTTCCGTTAAGATGTTTGATGCTTATGTC	7980
EA133160	7921A	7980
AY278491	7921A	7980
Query	7981	GACACCTTTTCAGCAACTTTTAGTGTTCCCTATGGAAAACTTAAGGCACCTTGTTGCTACA	8040
EA133160	7981	8040
AY278491	7981	8040
Query	8041	GCTCACAGCGAGTTAGCAAAGGGTGTAGCTTTAGATGGTGTCCCTTCTACATTCGTGTCA	8100
EA133160	8041	8100
AY278491	8041	8100
Query	8101	GCTGCCCCGACAAGGTGTTGTTGATACCGATGTTGACACAAAGGATGTTATTGAATGTCTC	8160
EA133160	8101	8160
AY278491	8101	8160
Query	8161	AAACTTTTCACATCACTCTGACTTAGAAGTGACAGGTGACAGTTGTAACAATTTTCATGCTC	8220
EA133160	8161	8220
AY278491	8161	8220
Query	8221	ACCTATAATAAGGTTGAAAACATGACGCCAGAGATCTTGGCGCATGTATTGACTGTAAT	8280
EA133160	8221	8280
AY278491	8221	8280
Query	8281	GCAAGGCATATCAATGCCCAAGTAGCAAAAAGTCACAATGTTTCACTCATCTGGAATGTA	8340
EA133160	8281	8340
AY278491	8281	8340
Query	8341	AAAGACTACATGTCCTTATCTGAACAGCTGCGTAAACAAATTCGTAGTCTGCCAAGAAG	8400
EA133160	8341C	8400
AY278491	8341C	8400
Query	8401	AACAACATACCTTTTGACTAACTTGTGCTACAAC TAGACAGGTTGTCAATGTCATAACT	8460
EA133160	8401C	8460
AY278491	8401C	8460
Query	8461	ACTAAATCTCACTCAAGGGTGGTAAGATTGTTAGTACTTGTTTTAAACTTATGCTTAAG	8520
EA133160	8461	8520
AY278491	8461	8520
Query	8521	GCCACATTATTGTGCGTCTTGTGCTGCATTGGTTGTTATATCGTTATGCCAGTACATACA	8580
EA133160	8521	8580
AY278491	8521	8580
Query	8581	TTGTCAATCCATGATGGTTACACAAATGAAATCATTGGTTACAAAGCCATT CAGGATGGT	8640
EA133160	8581	8640
AY278491	8581	8640
Query	8641	GTCAC TCGTGACATCATTTCTACTGATGATTGTTT GCAAATAAACATGCTGGTTTTGAC	8700
EA133160	8641	8700
AY278491	8641	8700
Query	8701	GCATGGTTT TAGCCAGCGTGGTGGTTCATACAAAAATGACAAAAGCTGCCCTGTAGTAGCT	8760
EA133160	8701	8760
AY278491	8701	8760
Query	8761	GCTATCATTACAAGAGAGATTGGTTTTCATAGTGCC TGGCTTACCGGGTACTGTGCTGAGA	8820
EA133160	8761	8820
AY278491	8761	8820
Query	8821	GCAATCAATGGTGACTTCTTGCATTTTCTACCTCGTGTTTTTAGTGCTGTTGGCAACATT	8880
EA133160	8821	8880
AY278491	8821	8880
Query	8881	TGCTACACACCTTCCAAACTCATTGAGTATAGTGATTTTGCTACCTCTGCTTGCGTCTCT	8940
EA133160	8881	8940
AY278491	8881	8940
Query	8941	GCTGCTGAGTG TACAATTTTAAAGGATGCTATGGGCAAACCTGTGCCATATTGTTATGAC	9000
EA133160	8941	9000
AY278491	8941	9000
Query	9001	ACTAATTTGCTAGAGGGTCTATTTCTTATAGTGAGCTTCGTCCAGACACTCGTTATGTG	9060
EA133160	9001	9060
AY278491	9001	9060
Query	9061	CTTATGGATGGTTCATCATACAGTTTCCTAACACTTACCTGGAGGGTCTGT TAGAGTA	9120
EA133160	9061	9120

EXHIBIT C

AY278491	9061	9120
Query	9121	GTAACAACCTTTTGATGCTGAGTACTGTAGACATGGTACATGCGAAAGGTCAGAAGTAGGT	9180
EA133160	9121	9180
AY278491	9121	9180
Query	9181	ATTTCGCTATCTACCAGTGGTAGATGGGTTCTTAATAATGAGCATTACAGAGCTCTATCA	9240
EA133160	9181	9240
AY278491	9181	9240
Query	9241	GGAGTTTTCTGTGGTGTGATGCGATGAATCTCATAGCTAACATCTTTACTCCTCTTGTG	9300
EA133160	9241	9300
AY278491	9241	9300
Query	9301	CAACCTGTGGGTGCTTTAGATGTGTCTGCTTCAGTAGTGGCTGGTGGTATTATTGCCATA	9360
EA133160	9301	9360
AY278491	9301	9360
Query	9361	TTGGTGACTTGTGCTGCCTACTACTTTATGAAATTCAGACGTGTTTTTGGTGAGTACAAC	9420
EA133160	9361	9420
AY278491	9361	9420
Query	9421	CATGTTGTTGCTGCTAATGCACCTTTTGTTTTGATGTCTTTCACTATACTCTGTCTGGTA	9480
EA133160	9421	9480
AY278491	9421	9480
Query	9481	CCAGCTTACAGCTTCTGCGGGAGTCTACTCAGTCTTTTACTTGTACTTGACATTCTAT	9540
EA133160	9481	9540
AY278491	9481	9540
Query	9541	TTCACCAATGATGTTTCATTCTTGGCTCACCTTCAATGGTTTGCCATGTTTTCTCCTATT	9600
EA133160	9541	9600
AY278491	9541	9600
Query	9601	GTGCCTTTTTGGATAACAGCAATCTATGTATTCTGTATTTCTCTGAAGCACTGCCATTGG	9660
EA133160	9601	9660
AY278491	9601	9660
Query	9661	TTCTTTAACAACATATCTTAGGAAAAGAGTCATGTTTAATGGAGTTACATTTAGTACCTTC	9720
EA133160	9661	9720
AY278491	9661	9720
Query	9721	GAGGAGGCTGCTTTGTGTACCTTTTGTCTCAACAAGGAAATGTACCTAAAATTGCGTAGC	9780
EA133160	9721	9780
AY278491	9721	9780
Query	9781	GAGACACTGTTGCCACTTACACAGTATAACAGGTATCTTGCTCTATATAACAAGTACAAG	9840
EA133160	9781	9840
AY278491	9781	9840
Query	9841	TATTTTCAGTGGAGCCTTAGATACTACCAGCTATCGTGAAGCAGCTTGCTGCCACTTAGCA	9900
EA133160	9841	9900
AY278491	9841	9900
Query	9901	AAGGCTCTAAATGACTTTAGCAACTCAGGTGCTGATGTTCTCTACCAACCACCACAGACA	9960
EA133160	9901	9960
AY278491	9901	9960
Query	9961	TCAATCACCTTCTGCTGTTCTGCAGAGTGGTTTTAGGAAAATGGCATTCCCCTCAGGCAAA	10020
EA133160	9961	10020
AY278491	9961	10020
Query	10021	GTTGAAGGGTGCATGGTACAAGTAACCTGTGGAACACAACTCTTAATGGATTGTGGTTG	10080
EA133160	10021	10080
AY278491	10021	10080
Query	10081	GATGACACAGTATACTGTCCAAGACATGTCATTGCACAGCAGAAGACATGCTTAATCCT	10140
EA133160	10081	10140
AY278491	10081	10140
Query	10141	AACTATGAAGATCTGCTCATTGCGAAATCCAACCATAGCTTTCTTGTTTCAGGCTGGCAAT	10200
EA133160	10141	10200
AY278491	10141	10200
Query	10201	GTTCAACTTCGTGTTATTGGCCATTCTATGCAAAATTGTCTGCTTAGGCTTAAAGTTGAT	10260
EA133160	10201	10260
AY278491	10201	10260
Query	10261	ACTTCTAACCCTAAGACACCCAAGTATAAAATTTGTCCGTATCCAACCTGGTCAAACATTT	10320
EA133160	10261	10320
AY278491	10261	10320

EXHIBIT C

Query	10321	TCAGTTCTAGCATGCTACAATGGTTCCACCATCTGGTGTTCATCAGTGTGCCATGAGACCT	10380
EA133160	10321	10380
AY278491	10321	10380
Query	10381	AATCATACCATTAAAGGTTCTTTTCCTTAATGGATCATGTGGTAGTGTGGTTTTAACATT	10440
EA133160	10381	10440
AY278491	10381	10440
Query	10441	GATTATGATTGCGTGTCTTTCTGCTATATGCATCATATGGAGCTTCCAACAGGAGTACAC	10500
EA133160	10441	10500
AY278491	10441	10500
Query	10501	GCTGGTACTGACTTAGAAGGTAAATTCATGGTCCATTTGTTGACAGACAACTGCACAG	10560
EA133160	10501	10560
AY278491	10501	10560
Query	10561	GCTGCAGGTACAGACACAACCATAACATTAAATGTTTTGGCATGGCTGTATGCTGCTGTT	10620
EA133160	10561	10620
AY278491	10561	10620
Query	10621	ATCAATGGTGATAGGTGGTTTCTTAATAGATTCACCACTACTTTGAATGACTTTAACCTT	10680
EA133160	10621	10680
AY278491	10621	10680
Query	10681	GTGGCAATGAAGTACAACCTATGAACCTTTGACACAAGATCATGTTGACATATTGGGACCT	10740
EA133160	10681	10740
AY278491	10681	10740
Query	10741	CTTCTGCTCAAACAGGAATTGCCGTCTTAGATATGTGTGCTGCTTTGAAAGAGCTGCTG	10800
EA133160	10741	10800
AY278491	10741	10800
Query	10801	CAGAAATGGTATGAATGGTCGTACTATCCTTGGTAGCACTATTTTAGAAGATGAGTTTACA	10860
EA133160	10801	10860
AY278491	10801	10860
Query	10861	CCATTTGATGTTGTTAGACAATGCTCTGGTGTTACCTTCCAAGGTAAGTTCAAGAAAATT	10920
EA133160	10861	10920
AY278491	10861	10920
Query	10921	GTTAAGGGCACTCATCATTTGGATGCTTTTAACTTTCTTGACATCACTATTGATTCTTGTT	10980
EA133160	10921	10980
AY278491	10921	10980
Query	10981	CAAAGTACACAGTGGTCACTGTTTTTCTTTGTTTACGAGAATGCTTTCTTGCCATTTACT	11040
EA133160	10981	11040
AY278491	10981	11040
Query	11041	CTTGGTATTATGGCAATTGCTGCATGTGCTATGCTGCTTGTTAAGCATAAGCACGCATTC	11100
EA133160	11041	11100
AY278491	11041	11100
Query	11101	TTGTGCTTGTTTCTGTTACCTTCTCTTGCAACAGTTGCTTACTTTAATATGGTCTACATG	11160
EA133160	11101	11160
AY278491	11101	11160
Query	11161	CCTGCTAGCTGGGTGATGCGTATCATGACATGGCTTGAATTGGCTGACACTAGCTTGCTCT	11220
EA133160	11161	11220
AY278491	11161	11220
Query	11221	GTTATAGGCTTAAGGATTGTGTTATGTATGCTTCAGCTTTAGTTTGCTTATTCTCATG	11280
EA133160	11221	11280
AY278491	11221	11280
Query	11281	ACAGCTCGCACTGTTTATGATGATGCTGCTAGACGTGTTGGACACTGATGAATGTCATT	11340
EA133160	11281	11340
AY278491	11281	11340
Query	11341	ACACTTGTTTACAAAGTCTACTATGGTAATGCTTTAGATCAAGCTATTTCCATGTGGGCC	11400
EA133160	11341	11400
AY278491	11341	11400
Query	11401	TTAGTTATTTCTGTAACTCTAACTATTCTGGTGTGTTACGACTATCATGTTTTTAGCT	11460
EA133160	11401	11460
AY278491	11401	11460
Query	11461	AGAGCTATAGTGTGTTGTGTGTTGAGTATTACCCATTGTTATTTATTACTGGCAACACC	11520
EA133160	11461	11520
AY278491	11461	11520

EXHIBIT C

Query	11521	TTACAGTGTATCATGCTTGTATTATTGTTTCTTAGGCTATTGTTGCTGCTGCTACTTTGGC	11580
EA133160	11521	11580
AY278491	11521	11580
Query	11581	CTTTTCTGTTTACTCAACCGTTACTTCAGGCTTACTCTTGGTGTTTATGACTACTTGGTC	11640
EA133160	11581	11640
AY278491	11581	11640
Query	11641	TCTACACAAGAATTTAGGTATATGAACTCCCAGGGGCTTTTGCCTCCTAAGAGTAGTATT	11700
EA133160	11641	11700
AY278491	11641	11700
Query	11701	GATGCTTTCAAGCTTAACATTAAGTTGTTGGGTATTGGAGGTAAACCATGTATCAAGGTT	11760
EA133160	11701	11760
AY278491	11701	11760
Query	11761	GCTACTGTACAGTCTAAAATGTCTGACGTAAAGTGCACATCTGTGGTACTGCTCTCGGTT	11820
EA133160	11761	11820
AY278491	11761	11820
Query	11821	CTCAACAACCTTAGAGTAGAGTCATCTTCTAAATTGTGGGCACAATGTGTACAACCTCCAC	11880
EA133160	11821	11880
AY278491	11821	11880
Query	11881	AATGATATTCTTCTTGCAAAAGACACAACGAAGCTTTCGAGAAGATGGTTTCTCTTTTG	11940
EA133160	11881	11940
AY278491	11881	11940
Query	11941	TCTGTTTTGCTATCCATGCAGGGTGTCTGTAGACATTAATAGGTTGTGCGAGGAAATGCTC	12000
EA133160	11941	12000
AY278491	11941	12000
Query	12001	GATAACCGTGCTACTCTTCAGGCTATTGCTTCAGAATTTAGTTCTTTACCATCATATGCC	12060
EA133160	12001	12060
AY278491	12001	12060
Query	12061	GCTTATGCCACTGCCCAGGAGGCCATGAGCAGGCTGTAGCTAATGGTGATTCTGAAGTC	12120
EA133160	12061	12120
AY278491	12061	12120
Query	12121	GTTCTCAAAAAGTTAAAGAAATCTTTGAATGTGGCTAAATCTGAGTTTGACCGTGATGCT	12180
EA133160	12121	12180
AY278491	12121	12180
Query	12181	GCCATGCAACGCAAGTTGGAAAAGATGGCAGATCAGGCTATGACCCAAATGTACAAACAG	12240
EA133160	12181	12240
AY278491	12181	12240
Query	12241	GCAAGATCTGAGGACAAGAGGGCAAAAGTAACTAGTGCTATGCAAACAATGCTCTTCACT	12300
EA133160	12241	12300
AY278491	12241	12300
Query	12301	ATGCTTAGGAAGCTTGATAATGATGCACTTAACAACATTATCAACAATGCGCGTGATGGT	12360
EA133160	12301	12360
AY278491	12301	12360
Query	12361	TGTGTTCCACTCAACATCATACCATTGACTACAGCAGCCAAACTCATGGTTGTTGTCCCT	12420
EA133160	12361	12420
AY278491	12361	12420
Query	12421	GATTATGGTACCTACAAGAACACTTGTGATGGTAACACCTTTACATATGCATCTGCACTC	12480
EA133160	12421	12480
AY278491	12421	12480
Query	12481	TGGGAAATCCAGCAAGTTGTTGATGCGGATAGCAAGATTGTTCAACTTAGTGAAATTAAC	12540
EA133160	12481	12540
AY278491	12481	12540
Query	12541	ATGGACAATTACCAAATTTGGCTTGGCCTCTTATTGTTACAGCTCTAAGAGCCAACCTCA	12600
EA133160	12541	12600
AY278491	12541	12600
Query	12601	GCTGTTAAACTACAGAATAATGAACTGAGTCCAGTAGCACTACGACAGATGTCTGTGCG	12660
EA133160	12601	12660
AY278491	12601	12660
Query	12661	GCTGGTACCACACAAACAGCTTGTACTGATGACAATGCACCTGCCTACTATAACAATTCTG	12720
EA133160	12661	12720
AY278491	12661	12720
Query	12721	AAGGGAGGTAGGTTTGTGCTGGCATTACTATCAGACCACCAAGATCTCAAATGGGCTAGA	12780

EXHIBIT C

EA133160	12721	12780
AY278491	12721	12780
Query	12781	TTCCCTAAGAGTGATGGTACAGGTACAATTTACACAGAACTGGAACCACCTTGTAGGTTT	12840
EA133160	12781	12840
AY278491	12781	12840
Query	12841	GTTACAGACACACCAAAAGGGCCTAAAGTGAATACTTGTAACCTCATCAAAGGCTTAAAC	12900
EA133160	12841	12900
AY278491	12841	12900
Query	12901	AACCTAAATAGAGGTATGGTGTGGGCAGTTTAGCTGCTACAGTACGTCTTCAGGCTGGA	12960
EA133160	12901	12960
AY278491	12901	12960
Query	12961	AATGCTACAGAAGTACCTGCCAATTCAACTGTGCTTTCCTTCTGTGCTTTTGCAGTAGAC	13020
EA133160	12961	13020
AY278491	12961	13020
Query	13021	CCTGCTAAAGCATATAAGGATTACCTAGCAAGTGGAGGACAACCAATCACCAACTGTGTG	13080
EA133160	13021	13080
AY278491	13021	13080
Query	13081	AAGATGTTGTGTACACACACTGGTACAGGACAGGCAATTACTGTAACACCAGAAGCTAAC	13140
EA133160	13081	13140
AY278491	13081	13140
Query	13141	ATGGACCAAGAGTCCTTTGGTGGTGTTCATGTTGTCTGTATTGTAGATGCCACATTGAC	13200
EA133160	13141	13200
AY278491	13141	13200
Query	13201	CATCCAAATCCTAAAGGATTCTGTGACTTGAAAGGTAAGTACGTCCAAATACCTACCACT	13260
EA133160	13201	13260
AY278491	13201	13260
Query	13261	TGTGCTAATGACCCAGTGGGTTTTACACTTAGAAACACAGTCTGTACCGTCTGCGGAATG	13320
EA133160	13261	13320
AY278491	13261	13320
Query	13321	TGGAAAGGTTATGGCTGTAGTTGTGACCAACTCCGCGAACCCCTTGATGCAGTCTGCGGAT	13380
EA133160	13321	13380
AY278491	13321	13380
Query	13381	GCATCAACGTTTTTAAACGGGTTTGCGGTGTAAAGTGCAGCCCGTCTTACACCGTGCGGCA	13440
EA133160	13381	13440
AY278491	13381	13440
Query	13441	CAGGCACTAGTACTGATGTCGTCTACAGGGCTTTTGATATTTACAACGAAAAA-GTTGCT	13499
EA133160	13441	13499
AY278491	13441	13499
Query	13500	GGTTTTGCAAAGTTCCTAAAACTAATTGCTGTGCTTCCAGGAGAAGGATGAGGAAGGC	13559
EA133160	13500	13559
AY278491	13500	13559
Query	13560	AATTTATTAGACTCTTACTTTGTAGTTAAGAGGCATACTATGTCTAACTACCAACATGAA	13619
EA133160	13560	13619
AY278491	13560	13619
Query	13620	GAGACTATTTATAACTTGGTTAAAGATTGTCCAGCGGTTGCTGTCCATGACTTTTTCAAG	13679
EA133160	13620	13679
AY278491	13620	13679
Query	13680	TTAGAGTAGATGGTGACATGGTACCACATATATCACGTCAGCGTCTAACTAAATACACA	13739
EA133160	13680	13739
AY278491	13680	13739
Query	13740	ATGGCTGATTTAGTCTATGCTCTACGTCATTTTGATGAGGGTAATTGTGATACATTAATA	13799
EA133160	13740	13799
AY278491	13740	13799
Query	13800	GAAATACTCGTCACATACAATTGCTGTGATGATGATTATTTCAATAAGAAGGATTGGTAT	13859
EA133160	13800	13859
AY278491	13800	13859
Query	13860	GACTTCGTAGAGAATCCTGACATCTTACGCGTATATGCTAACTTAGGTGAGCGTGACGC	13919
EA133160	13860	13919
AY278491	13860	13919
Query	13920	CAATCATTATTAAAGACTGTACAATTCTGCGATGCTATGCGTGATGCAGGCATTGTAGGC	13979
EA133160	13920	13979

EXHIBIT C

AY278491	13920	13979
Query	13980	GTACTGACATTAGATAATCAGGATCTTAATGGGAAGTGGTACGATTTCGGTGATTTCGTA	14039
EA133160	13980	14039
AY278491	13980	14039
Query	14040	CAAGTAGCACCAGGCTGCGGAGTTCTATTGTGGATTTCATATTACTCATTGCTGATGCCC	14099
EA133160	14040	14099
AY278491	14040	14099
Query	14100	ATCCTCACCTTTGACTAGGGCATTGGCTGCTGAGTCCCATATGGATGCTGATCTCGCAAAA	14159
EA133160	14100	14159
AY278491	14100	14159
Query	14160	CCACTTATTAAGTGGGATTTGCTGAAATATGATTTTACGGAAGAGAGACTTTGTCTCTTC	14219
EA133160	14160	14219
AY278491	14160	14219
Query	14220	GACCGTTATTTTAAATATTGGGACCAGACATACCATCCCAATTGTATTAAGTGTGGAT	14279
EA133160	14220	14279
AY278491	14220	14279
Query	14280	GATAGGTGTATCCTTCATTGTGCAAACTTTAATGTGTTATTTTCTACTGTGTTTCCACCT	14339
EA133160	14280	14339
AY278491	14280	14339
Query	14340	ACAAGTTTTGGACCACTAGTAAGAAAAATATTTGTAGATGGTGTTCCTTTGTGTTTCA	14399
EA133160	14340	14399
AY278491	14340	14399
Query	14400	ACTGGATACCATTTTCGTGAGTTAGGAGTCGTACATAATCAGGATGTAAACTTACATAGC	14459
EA133160	14400	14459
AY278491	14400	14459
Query	14460	TCGCGTCTCAGTTTCAAGGAACTTTGTAGTATGCTGCTGATCCAGCTATGCATGCAGCT	14519
EA133160	14460	14519
AY278491	14460	14519
Query	14520	TCTGGCAATTTATTGCTAGATAAACGCACTACATGCTTTTCAGTAGCTGCACTAACAAAC	14579
EA133160	14520	14579
AY278491	14520	14579
Query	14580	AATGTTGCTTTTCAAACGTGCAAAACCGGTAATTTAATAAAGACTTTTATGACTTTGCT	14639
EA133160	14580	14639
AY278491	14580	14639
Query	14640	GTGTCTAAAGGTTTCTTTAAGGAAGGAAGTTCTGTTGAACTAAACACTTCTTCTTTGCT	14699
EA133160	14640	14699
AY278491	14640	14699
Query	14700	CAGGATGGCAACGCTGCTATCAGTGATTATGACTATTATCGTTATAATCTGCCAACAATG	14759
EA133160	14700	14759
AY278491	14700	14759
Query	14760	TGTGATATCAGACAACTCCTATTTCGTAGTTGAAGTTGTTGATAAATACTTTGATTGTTAC	14819
EA133160	14760	14819
AY278491	14760	14819
Query	14820	GATGGTGGCTGTATTAATGCCAACCAAGTAATCGTTAACAATCTGGATAAATCAGCTGGT	14879
EA133160	14820	14879
AY278491	14820	14879
Query	14880	TTCCCATTTAATAAATGGGGTAAGGCTAGACTTTATTATGACTCAATGAGTTATGAGGAT	14939
EA133160	14880	14939
AY278491	14880	14939
Query	14940	CAAGATGCACTTTTTCGCGTATACTAAGCGTAATGTCATCCCTACTATAACTCAAATGAAT	14999
EA133160	14940	14999
AY278491	14940	14999
Query	15000	CTTAAGTATGCCATTAGTGCAAAGAATAGAGCTCGCACCGTAGCTGGTGTCTCTATCTGT	15059
EA133160	15000	15059
AY278491	15000	15059
Query	15060	AGTACTATGACAAATAGACAGTTTCATCAGAAATTATTGAAGTCAATAGCCGCCACTAGA	15119
EA133160	15060	15119
AY278491	15060	15119
Query	15120	GGAGCTACTGTGGTAATTGGAACAAGCAAGTTTACGGTGGCTGGCATAATATGTTAAAA	15179
EA133160	15120	15179
AY278491	15120	15179

EXHIBIT C

Query	15180	ACTGTTTACAGTGATGTAGAAACTCCACACCTTATGGGTTGGGATTATCCAAAATGTGAC	15239
EA133160	15180	15239
AY278491	15180	15239
Query	15240	AGAGCCATGCCTAACATGCTTAGGATAATGGCCTCTCTTGTTCTTGCTCGCAAACATAAC	15299
EA133160	15240	15299
AY278491	15240	15299
Query	15300	ACTTGCTGTAACCTTATCACACCGTTTCTACAGGTTAGCTAACGAGTGTGCGCAAGTATTA	15359
EA133160	15300	15359
AY278491	15300	15359
Query	15360	AGTGAGATGGTCATGTGTGGCGGCTCACTATATGTTAAACCAGGTGGAACATCATCCGGT	15419
EA133160	15360	15419
AY278491	15360	15419
Query	15420	GATGCTACAACCTGCTTATGCTAATAGTGTCTTTAACATTTGTCAAGCTGTTACAGCCAAT	15479
EA133160	15420	15479
AY278491	15420	15479
Query	15480	GTAAATGCACTTCTTTCAACTGATGGTAATAAGATAGCTGACAAGTATGTCCGCAATCTA	15539
EA133160	15480	15539
AY278491	15480	15539
Query	15540	CAACACAGGCTCTATGAGTGTCCTATAGAAATAGGGATGTTGATCATGAATTCGTGGAT	15599
EA133160	15540	15599
AY278491	15540	15599
Query	15600	GAGTTTTACGCTTACCTGCGTAAACATTTCTCCATGATGATTCTTTCTGATGATGCCGTT	15659
EA133160	15600	15659
AY278491	15600	15659
Query	15660	GTGTGCTATAACAGTAACTATGCGGCTCAAGGTTTAGTAGCTAGCATTAAAGAACTTTAAG	15719
EA133160	15660	15719
AY278491	15660	15719
Query	15720	GCAGTTCTTTATTATCAAAAATAATGTGTTTCATGTCTGAGGCAAAATGTTGGACTGAGACT	15779
EA133160	15720	15779
AY278491	15720	15779
Query	15780	GACCTTACTAAAGGACCTCACGAATTTTGCTCACAGCATAACAATGCTAGTTAAACAAGGA	15839
EA133160	15780	15839
AY278491	15780	15839
Query	15840	GATGATTACGTGTACCTGCCTTACCCAGATCCATCAAGAATATTAGGCGCAGGCTGTTTT	15899
EA133160	15840	15899
AY278491	15840	15899
Query	15900	GTCGATGATATTGTCAAAACAGATGGTACACTTATGATTGAAAGGTTTCGTGTCACCTGGCT	15959
EA133160	15900	15959
AY278491	15900	15959
Query	15960	ATTGATGCTTACCCACTTACAAAACATCCTAATCAGGAGTATGCTGATGTCTTTCACTTG	16019
EA133160	15960	16019
AY278491	15960	16019
Query	16020	TATTTACAATACATTAGAAAGTTACATGATGAGCTTACTGGCCACATGTTGGACATGTAT	16079
EA133160	16020	16079
AY278491	16020	16079
Query	16080	TCCGTAATGCTAACTAATGATAACACCTCACGGTACTGGGAACCTGAGTTTTATGAGGCT	16139
EA133160	16080	16139
AY278491	16080	16139
Query	16140	ATGTACACACCACATACAGTCTTGCCAGGCTGTAGGTGCTTGTGTATTGTGCAATTCACAG	16199
EA133160	16140	16199
AY278491	16140	16199
Query	16200	ACTTCACTTCGTTGCGGTGCCTGTATTAGGAGACCATTCTATGTTGCAAGTGCTGCTAT	16259
EA133160	16200	16259
AY278491	16200	16259
Query	16260	GACCATGTCAATTTCAACATCACACAAATTAGTGTGTCTGTTAATCCCTATGTTTGCAAT	16319
EA133160	16260	16319
AY278491	16260	16319
Query	16320	GCCCCAGGTTGTGATGTCACTGATGTGACACAACCTGTATCTAGGAGGTATGAGCTATTAT	16379
EA133160	16320	16379
AY278491	16320	16379

EXHIBIT C

Query	16380	TGCAAGTCACATAAGCCTCCCATTAGTTTTCCATTATGTGCTAATGGTCAGGTTTTTGGT	16439
EA133160	16380	16439
AY278491	16380	16439
Query	16440	TTATACAAAAACACATGTGTAGGCAGTGACAATGTCACTGACTTCAATGCGATAGCAACA	16499
EA133160	16440	16499
AY278491	16440	16499
Query	16500	TGTGATTGGACTAATGCTGGCGATTACATACTTGCCAACACTTGTACTGAGAGACTCAAG	16559
EA133160	16500	16559
AY278491	16500	16559
Query	16560	CTTTTCGCAGCAGAAACGCTCAAAGCCACTGAGGAAACATTTAAGCTGTCATATGGTATT	16619
EA133160	16560	16619
AY278491	16560	16619
Query	16620	GCTCTGTACGCGAAGTACTCTCTGACAGAGAATTGCATCTTTCATGGGAGGTTGGAAAA	16679
EA133160	16620	16679
AY278491	16620	16679
Query	16680	CCTAGACCACCATTGAACAGAACTATGTCTTTACTGGTTACCGTGTAACATAAAATAGT	16739
EA133160	16680	16739
AY278491	16680	16739
Query	16740	AAAGTACAGATTGGAGAGTACACCTTTGAAAAAGGTGACTATGGTGATGCTGTTGTGTAC	16799
EA133160	16740	16799
AY278491	16740	16799
Query	16800	AGAGGTACTACGACATACAAGTTGAATGTTGGTGATTACTTTGTGTTGACATCTCACACT	16859
EA133160	16800	16859
AY278491	16800	16859
Query	16860	GTAATGCCACTTAGTGACCTACTCTAGTGCCACAAGAGCACTATGTGAGAATTACTGGC	16919
EA133160	16860	16919
AY278491	16860	16919
Query	16920	TTGTACCCAACACTCAACATCTCAGATGAGTTTCTAGCAATGTTGCAAATTATCAAAAG	16979
EA133160	16920	16979
AY278491	16920	16979
Query	16980	GTCGGCATGCAAAAGTACTCTACACTCCAAGGACCACCTGGTACTGGTAAGAGTCATTTT	17039
EA133160	16980	17039
AY278491	16980	17039
Query	17040	GCCATCGGACTTGCTCTCTATTACCCATCTGCTCGCATAGTGTATACGGCATGCTCTCAT	17099
EA133160	17040	17099
AY278491	17040	17099
Query	17100	GCAGCTGTTGATGCCCTATGTGAAAAGGCATTAAAAATATTTGCCCATAGATAAATGTAGT	17159
EA133160	17100	17159
AY278491	17100	17159
Query	17160	AGAATCATACCTGCGCGTGCGCGCTAGAGTGTTTTGATAAATTCAAAGTGAATTCAACA	17219
EA133160	17160	17219
AY278491	17160	17219
Query	17220	CTAGAACAGTATGTTTTCTGCACTGTAAATGCATTGCCAGAAACAACTGCTGACATTGTA	17279
EA133160	17220	17279
AY278491	17220	17279
Query	17280	GTCTTTGATGAAATCTCTATGGCTACTAATTATGACTTGAGTGTTGTCAATGCTAGACTT	17339
EA133160	17280	17339
AY278491	17280	17339
Query	17340	CGTGCAAAACACTACGCTCTATATTGGCGATCCTGCTCAATTACCAGCCCCCGCACATTG	17399
EA133160	17340	17399
AY278491	17340	17399
Query	17400	CTGACTAAAGGCACACTAGAACCAGAATATTTTAATTCAGTGTGAGACTTATGAAAACA	17459
EA133160	17400	17459
AY278491	17400	17459
Query	17460	ATAGGTCCAGACATGTTCCCTTGAACCTTGTCGCCGTTGTCTGCTGAAATTGTTGACACT	17519
EA133160	17460	17519
AY278491	17460	17519
Query	17520	GTGAGTGCTTTAGTTTATGACAATAAGCTAAAAGCACACAAGGATAAGTCAGCTCAATGC	17579
EA133160	17520	17579
AY278491	17520	17579
Query	17580	TTCAAAATGTTCTACAAAGGTGTTATTACACATGATGTTTCATCTGCAATCAACAGACCT	17639

EXHIBIT C

EA133160	17580	17639
AY278491	17580	17639
Query	17640	CAAATAGGCGTTGTAAGAGAATTTCTTACACGCAATCCTGCTTGGAGAAAAGCTGTTTTT	17699
EA133160	17640	17699
AY278491	17640	17699
Query	17700	ATCTCACCTTATAATTCACAGAACGCTGTAGCTTCAAAAATCTTAGGATTGCCTACGCAG	17759
EA133160	17700	17759
AY278491	17700	17759
Query	17760	ACTGTTGATTTCATCACAGGGTTCTGAATATGACTATGTTCATATTCACACAAACTACTGAA	17819
EA133160	17760	17819
AY278491	17760	17819
Query	17820	ACAGCACACTCTTGTAATGTCAACCGCTTCAATGTGGCTATCACAAGGGCAAAAATTGGC	17879
EA133160	17820	17879
AY278491	17820	17879
Query	17880	ATTTTGTGCATAATGTCTGATAGAGATCTTTATGACAACTGCAATTTACAAGTCTAGAA	17939
EA133160	17880	17939
AY278491	17880	17939
Query	17940	ATACCACGTCGCAATGTGGCTACATTACAAGCAGAAAATGTAAGTGGACTTTTTAAGGAC	17999
EA133160	17940	17999
AY278491	17940	17999
Query	18000	TGTAGTAAGATCATTACTGGTCTTCATCCTACACAGGCACCTACACACCTCAGCGTTGAT	18059
EA133160	18000	18059
AY278491	18000	18059
Query	18060	ATAAAGTTCAAGACTGAAGGATTATGTGTTGACATACCAGGCATACCAAAGGACATGACC	18119
EA133160	18060	18119
AY278491	18060	18119
Query	18120	TACCGTAGACTCATCTCTATGATGGGTTTCAAAATGAATTACCAAGTCAATGGTTACCCT	18179
EA133160	18120	18179
AY278491	18120	18179
Query	18180	AATATGTTTATCACCCGCGAAGAAGCTATTCGTCACGTTCTGTCGTTGGATTGGCTTTGAT	18239
EA133160	18180	18239
AY278491	18180	18239
Query	18240	GTAGAGGGCTGTCATGCAACTAGAGATGCTGTGGGTACTAACCCTACCCTCCAGCTAGGA	18299
EA133160	18240	18299
AY278491	18240	18299
Query	18300	TTTCTACAGGTGTTAACTTAGTAGCTGTACCGACTGGTTATGTTGACACTGAAAATAAC	18359
EA133160	18300	18359
AY278491	18300	18359
Query	18360	ACAGAATTCACCAGAGTTAATGCAAAACCTCCACCAGGTGACCAGTTTAAACATCTTATA	18419
EA133160	18360	18419
AY278491	18360	18419
Query	18420	CCACTCATGTATAAAGGCTTGCCCTGGAATGTAGTGCGTATTAAGATAGTACAAATGCTC	18479
EA133160	18420	18479
AY278491	18420	18479
Query	18480	AGTGATACACTGAAAGGATTGTCAGACAGAGTCGTGTTCTGCTCTTTGGGCGCATGGCTTT	18539
EA133160	18480	18539
AY278491	18480	18539
Query	18540	GAGCTTACATCAATGAAGTACTTTGTCAAGATTGGACCTGAAAGAACGTGTTGTCTGTGT	18599
EA133160	18540	18599
AY278491	18540	18599
Query	18600	GACAAACGTGCAACTTGCTTTTCTACTTCATCAGATACTTATGCCTGCTGGAATCATTCT	18659
EA133160	18600	18659
AY278491	18600	18659
Query	18660	GTGGGTTTTGACTATGTCTATAACCCATTTATGATTGATGTTTACAGCAGTGGGGCTTTACG	18719
EA133160	18660	18719
AY278491	18660	18719
Query	18720	GGTAACCTTCAGAGTAACCATGACCAACATTGCCAGGTACATGGAATGCACATGTGGCT	18779
EA133160	18720	18779
AY278491	18720	18779
Query	18780	AGTTGTGATGCTATCATGACTAGATGTTTAGCAGTCCATGAGTGCTTTGTTAAGCGCGTT	18839
EA133160	18780	18839

EXHIBIT C

AY278491	18780	18839
Query	18840	GATTGGTCTGTTGAATACCCCTATTATAGGAGATGAACTGAGGGTTAATTCTGCTTGCAGA	18899
EA133160	18840	18899
AY278491	18840	18899
Query	18900	AAAGTACAACACATGGTTGTGAAGTCTGCATTGCTTGCTGATAAGTTTCCAGTTCTTCAT	18959
EA133160	18900	18959
AY278491	18900	18959
Query	18960	GACATTGGAAATCCAAAGGCTATCAAGTGTGTGCCTCAGGCTGAAGTAGAATGGAAGTTC	19019
EA133160	18960	19019
AY278491	18960	19019
Query	19020	TACGATGCTCAGCCATGTAGTGACAAAGCTTACAAAATAGAGGACTCTTCTATTCTTAT	19079
EA133160	19020G.....	19079
AY278491	19020G.....	19079
Query	19080	GCTACACATCACGATAAATTCAGTATGGTGTGTTGTTTGGAAATTGTAACGTTGAT	19139
EA133160	19080	19139
AY278491	19080	19139
Query	19140	CGTTACCCAGCCAATGCAATTGTGTGTAGGTTTGACACAAGAGTCTTGTCAAACTTGAAC	19199
EA133160	19140C.....	19199
AY278491	19140C.....	19199
Query	19200	TTACCAGGCTGTGATGGTGGTAGTTTGTATGTGAATAAGCATGCATTCCACACTCCAGCT	19259
EA133160	19200	19259
AY278491	19200	19259
Query	19260	TTCGATAAAAGTGCATTTACTAATTTAAAGCAATTGCCTTTCTTTTACTATTCTGATAGT	19319
EA133160	19260	19319
AY278491	19260	19319
Query	19320	CCTTGTGAGTCTCATGGCAAACAAGTAGTGTGCGATATTGATTATGTTCCACTCAAATCT	19379
EA133160	19320	19379
AY278491	19320	19379
Query	19380	GCTACGTGTATTACACGATGCAATTTAGGTGGTGTGTTTGACAGACACCATGCAAATGAG	19439
EA133160	19380	19439
AY278491	19380	19439
Query	19440	TACCGACAGTACTTGATGTCATATAATATGATGATTTCTGCTGGATTTAGCCTATGGATT	19499
EA133160	19440	19499
AY278491	19440	19499
Query	19500	TACAAACAATTTGATACTTATAACCTGTGGAATACATTTACCAGGTTACAGAGTTTAGAA	19559
EA133160	19500	19559
AY278491	19500	19559
Query	19560	AATGTGGCTTATAATGTTGTTAATAAAGGACACTTTGATGGACACGCCGGCGAAGCACCT	19619
EA133160	19560	19619
AY278491	19560	19619
Query	19620	GTTTCCATCATTAAATAATGCTGTTTACACAAAGGTAGATGGTATTGATGTGGAGATCTTT	19679
EA133160	19620	19679
AY278491	19620	19679
Query	19680	GAAAATAAGACAACACTTCCTGTTAATGTTGCATTTGAGCTTTGGGCTAAGCGTAACATT	19739
EA133160	19680	19739
AY278491	19680	19739
Query	19740	AAACCAGTGCCAGAGATTAAGATACTCAATAATTTGGGTGTTGATATCGCTGCTAATACT	19799
EA133160	19740	19799
AY278491	19740	19799
Query	19800	GTAATCTGGGACTACAAAAGAGAAGCCCCAGCACATGTATCTACAATAGGTGTCTGCACA	19859
EA133160	19800	19859
AY278491	19800	19859
Query	19860	ATGACTGACATTGCCAAGAAACCTACTGAGAGTGCTTGTTCTTCACTTACTGTCTTGTTT	19919
EA133160	19860	19919
AY278491	19860	19919
Query	19920	GATGGTAGAGTGGAAGGACAGGTAGACCTTTTGTAGAAACGCCCGTAATGGTGTTTTAATA	19979
EA133160	19920	19979
AY278491	19920	19979
Query	19980	ACAGAAGGTTTCAGTCAAAGGTCTAACACCTTCAAAGGGACCAGCACAAAGCTAGCGTCAAT	20039
EA133160	19980	20039
AY278491	19980	20039

EXHIBIT C

Query	20040	GGAGTCACATTAATTGGAGAATCAGTAAAAACACAGTTTAACTACTTTAAGAAAGTAGAC	20099
EA133160	20040	20099
AY278491	20040	20099
Query	20100	GGCATTATTCAACAGTTGCCTGAAACCTACTTTACTCAGAGCAGAGACTTAGAGGATTTT	20159
EA133160	20100	20159
AY278491	20100	20159
Query	20160	AAGCCCAGATCACAAATGGAAACTGACTTTCTCGAGCTCGCTATGGATGAATTCATACAG	20219
EA133160	20160	20219
AY278491	20160	20219
Query	20220	CGATATAAGCTCGAGGGCTATGCCTTCGAACACATCGTTTATGGAGATTTTCAGTCATGGA	20279
EA133160	20220	20279
AY278491	20220	20279
Query	20280	CAACTTGCGGTCTTCATTTAATGATAGGCTTAGCCAAGCGCTCACAAGATTCACCACTT	20339
EA133160	20280	20339
AY278491	20280	20339
Query	20340	AAATTAGAGGATTTTATCCCTATGGACAGCACAGTGAAAAATTACTTCATAACAGATGCG	20399
EA133160	20340	20399
AY278491	20340	20399
Query	20400	CAAACAGGTTTCATCAAAATGTGTGTGTTCTGTGATTGATCTTTTACTTGATGACTTTGTC	20459
EA133160	20400	20459
AY278491	20400	20459
Query	20460	GAGATAATAAAGTCACAAGATTTGTTCAGTGATTTCAAAAGTGGTCAAGGTTACAATTGAC	20519
EA133160	20460	20519
AY278491	20460	20519
Query	20520	TATGCTGAAATTTTCATTCATGCTTTGGTGTAAGGATGGACATGTTGAAACCTTCTACCCA	20579
EA133160	20520	20579
AY278491	20520	20579
Query	20580	AAACTACAAGCAAGTCAAGCGTGGCAACCAGGTGTTGCGATGCCTAACTTGTACAAGATG	20639
EA133160	20580	20639
AY278491	20580	20639
Query	20640	CAAAGAATGCTTCTTGAAAAGTGTGACCTTCAGAATTATGGTGAAAATGCTGTTATACCA	20699
EA133160	20640	20699
AY278491	20640	20699
Query	20700	AAAGGAATAATGATGAATGTCGCAAAGTATACTCAACTGTGTCAATACTTAAATACACTT	20759
EA133160	20700	20759
AY278491	20700	20759
Query	20760	ACTTTAGCTGTACCCTACAACATGAGAGTTATTCACCTTGGTGCTGGCTCTGATAAAGGA	20819
EA133160	20760	20819
AY278491	20760	20819
Query	20820	GTTGCACCAGGTACAGCTGTGCTCAGACAATGGTTGCCAAGTGGCACACTACTTGTCGAT	20879
EA133160	20820	20879
AY278491	20820	20879
Query	20880	TCAGATCTTAATGACTTCGTCTCCGACGCAGATTCTACTTTAATTGGAGACTGTGCAACA	20939
EA133160	20880	20939
AY278491	20880	20939
Query	20940	GTACATACGGCTAATAAATGGGACCTTATTATTAGCGATATGTATGACCCCTAGGACCAAA	20999
EA133160	20940	20999
AY278491	20940	20999
Query	21000	CATGTGACAAAAGAGAATGACTCTAAAGAAGGGTTTTTCACTTATCTGTGTGGATTTATA	21059
EA133160	21000	21059
AY278491	21000	21059
Query	21060	AAGCAAAAAC TAGCCCTGGGTGGTTCTATAGCTGTAAAGATAACAGAGCATTCTTGAAT	21119
EA133160	21060	21119
AY278491	21060	21119
Query	21120	GCTGACCTTTACAAGCTTATGGGCCATTTCTCATGGTGGACAGCTTTTGTTACAAATGTA	21179
EA133160	21120	21179
AY278491	21120	21179
Query	21180	AATGCATCATCATCGGAAGCATTTTTAATTGGGGCTAACTATCTTGGCAAGCCGAAGGAA	21239
EA133160	21180	21239
AY278491	21180	21239

EXHIBIT C

Query	21240	CAAATTGATGGCTATACCATGCATGCTAACTACATTTTCTGGAGGAACACAAATCCTATC	21299
EA133160	21240	21299
AY278491	21240	21299
Query	21300	CAGTTGTCTTCCTATTCACTCTTTGACATGAGCAAATTTCTCTTAAATTAAGAGGAACT	21359
EA133160	21300	21359
AY278491	21300	21359
Query	21360	GCTGTAATGTCTCTTAAGGAGAATCAAATCAATGATATGATTATTCTCTTCTGGA AAAA	21419
EA133160	21360	21419
AY278491	21360	21419
Query	21420	GGTAGGCTTATCATTAGAGAAAACAACAGAGTTGTGGTTTCAAGTGATATTCTTGTTAAC	21479
EA133160	21420	21479
AY278491	21420	21479
Query	21480	AACTAAACGAACATGTTTATTTTCTTATTATTCTTACTCTCACTAGTGGTAGTGACCTT	21539
EA133160	21480	21539
AY278491	21480	21539
Query	21540	GACCGGTGCACCACCTTTTGATGATGTTCAAGCTCCTAATTACACTCAACATACTTCATCT	21599
EA133160	21540	21599
AY278491	21540	21599
Query	21600	ATGAGGGGGGTTTACTATCCTGATGAAATTTTATAGATCAGACACTCTTTATTTAACTCAG	21659
EA133160	21600	21659
AY278491	21600	21659
Query	21660	GATTTATTTCTTCCATTTTATTCTAATGTTACAGGGTTTCATACTATTAATCATACGTTT	21719
EA133160	21660	21719
AY278491	21660	21719
Query	21720	GGCAACCCTGTCATACCTTTTAAGGATGGTATTTATTTTGCTGCCACAGAGAAATCAAAT	21779
EA133160	21720	21779
AY278491	21720	21779
Query	21780	GTTGTCCGTGGTTGGGTTTTTGGTTCTACCATGAACAACAAGTCACAGTCGGTGATTATT	21839
EA133160	21780	21839
AY278491	21780	21839
Query	21840	ATTAACAATTCTACTAATGTTGTTATACGAGCATGTAACCTTTGAATTGTGTGACAACCCT	21899
EA133160	21840	21899
AY278491	21840	21899
Query	21900	TTCTTTGCTGTTTCTAAACCCATGGGTACACAGACACATACTATGATATTCGATAATGCA	21959
EA133160	21900	21959
AY278491	21900	21959
Query	21960	TTAATTGCACTTTCGAGTACATATCTGATGCCTTTTTCGCTTGATGTTTCAGAAAAGTCA	22019
EA133160	21960	22019
AY278491	21960	22019
Query	22020	GGTAATTTTAAACACTTACGAGAGTTTGTGTTTAAAAATAAAGATGGGTTTCTCTATGTT	22079
EA133160	22020	22079
AY278491	22020	22079
Query	22080	TATAAGGGCTATCAACCTATAGATGTAGTTCGTGATCTACCTTCTGGTTTTAACACTTTG	22139
EA133160	22080	22139
AY278491	22080	22139
Query	22140	AAACCTATTTTTAAGTTGCCTCTTGGTATTAACATTACAAATTTTAGAGCCATTCTTACA	22199
EA133160	22140	22199
AY278491	22140	22199
Query	22200	GCCTTTTCACCTGCTCAAGACATTTGGGGCACGTCAGCTGCAGCCTATTTTGTTGGCTAT	22259
EA133160	22200	22259
AY278491	22200	22259
Query	22260	TTAAAGCCAACCTACATTTATGCTCAAGTATGATGAAAATGGTACAATCACAGATGCTGTT	22319
EA133160	22260	22319
AY278491	22260	22319
Query	22320	GATTGTTCTCAAAATCCACTTGCTGAACTCAAATGCTCTGTTAAGAGCTTTGAGATTGAC	22379
EA133160	22320	22379
AY278491	22320	22379
Query	22380	AAAGGAATTTACCAGACCTCTAATTTTCAGGGTTGTTCCCTCAGGAGATGTTGTGAGATTC	22439
EA133160	22380	22439
AY278491	22380	22439
Query	22440	CCTAATATTACAACTTGTGTCCTTTTGGAGAGGTTTTTAATGCTACTAAATTCCCTTCT	22499

EXHIBIT C

EA133160	22440	22499
AY278491	22440	22499
Query	22500	GTCTATGCATGGGAGAGaaaaaaTTTCTAATTGTGTTGCTGATTACTCTGTGCTCTAC	22559
EA133160	22500	22559
AY278491	22500	22559
Query	22560	AACTCAACA+++++CAACCTTTAAGTGCTATGGCGTTTCTGCCACTAAGTTGAATGAT	22619
EA133160	22560	22619
AY278491	22560	22619
Query	22620	CTTTGCTTCTCCAATGTCTATGCAGATTCTTTTGTAGTCAAGGGAGATGATGTAAGACAA	22679
EA133160	22620	22679
AY278491	22620	22679
Query	22680	ATAGCGCCAGGACAAACTGGTGTTATTGCTGATTATAAATTATAAAATTGCCAGATGATTTT	22739
EA133160	22680	22739
AY278491	22680	22739
Query	22740	ATGGGTTGTGTCCTTGCTTGAATACTAGGAACATTGATGCTACTTCAACTGGTAATTAT	22799
EA133160	22740	22799
AY278491	22740	22799
Query	22800	AATTATAAATATAGGTATCTTAGACATGGCAAGCTTAGGCCCTTTGAGAGAGACATATCT	22859
EA133160	22800	22859
AY278491	22800	22859
Query	22860	AATGTGCCTTTCTCCCTGATGGCAAACCTTGCACCCACCTGCTCTTAATTGTTATTGG	22919
EA133160	22860	22919
AY278491	22860	22919
Query	22920	CCATTAAATGATTATGGTTTTTACACCAC TACTGGCATTGGCTACCAACCTTACAGAGTT	22979
EA133160	22920	22979
AY278491	22920	22979
Query	22980	GTAGTACTTTCTTTTGAACTTTTAAATGCACCGCCACGGTTTGTGGACCAAAATTATCC	23039
EA133160	22980	23039
AY278491	22980	23039
Query	23040	ACTGACCTTATTAAGAACCAGTGTGTCAATTTTAATTTTAATGGACTCACTGGTACTGGT	23099
EA133160	23040	23099
AY278491	23040	23099
Query	23100	GTGTTAACTCCTTCTTCAAAGAGATTTC AACCATTTC AACAATTTGGCCGTGATGTTTCT	23159
EA133160	23100	23159
AY278491	23100	23159
Query	23160	GATTTCACTGATTCCGTTTCGAGATCCTAAACATCTGAAATATTAGACATTTACCTTGC	23219
EA133160	23160	23219
AY278491	23160	23219
Query	23220	GCTTTGGGGGTGTAAGTGTAATTACACCTGGAACAAATGCTTCATCTGAAGTTGCTGTT	23279
EA133160	23220	23279
AY278491	23220	23279
Query	23280	CTATATCAAGATGTAACTGCACTGATGTTTCTACAGCAATTCATGCAGATCAACTCACA	23339
EA133160	23280	23339
AY278491	23280	23339
Query	23340	CCAGCTTGGCGCATATATCTACTGGAACAATGTATTCCAGACTCAAGCAGGCTGTCTT	23399
EA133160	23340	23399
AY278491	23340	23399
Query	23400	ATAGGAGCTGAGCATGTCGACACTTCTTATGAGTGCAGACATTCCTATTGGAGCTGGCATT	23459
EA133160	23400	23459
AY278491	23400	23459
Query	23460	TGTGCTAGTTACCATACAGTTTCTTTATTACGTAGTACTAGCCAAAAATCTATTGTGGCT	23519
EA133160	23460	23519
AY278491	23460	23519
Query	23520	TATACTATGTCTTTAGGTGCTGATAGTTCAATTGCTTACTCTAATAACACCATTGCTATA	23579
EA133160	23520	23579
AY278491	23520	23579
Query	23580	CCTACTAACTTTTCAATTAGCATTACTACAGAAGTAATGCCTGTTTCTATGGCTAAAACC	23639
EA133160	23580	23639
AY278491	23580	23639
Query	23640	TCCGTAGATTGTAATATGTACATCTGCGGAGATTCTACTGAATGTGCTAATTGCTTCTC	23699
EA133160	23640	23699

EXHIBIT C

AY278491	23640	23699
Query	23700	CAATATGGTAGCTTTTGCACACAACATAAATCGTGCACCTCTCAGGTATTGCTGCTGAACAG	23759
EA133160	23700	23759
AY278491	23700	23759
Query	23760	GATCGCAACACACGTGAAGTGTTTCGCTCAAGTCAAACAAATGTACAAAACCCCAACTTTG	23819
EA133160	23760	23819
AY278491	23760	23819
Query	23820	AAATATTTTGGTGGTTTTAATTTTTCACAAATATTACCTGACCCTCTAAAGCCAACATAAG	23879
EA133160	23820	23879
AY278491	23820	23879
Query	23880	AGGTCTTTTATTGAGGACTTGCTCTTTAATAAGGTGACACTCGCTGATGCTGGCTTCATG	23939
EA133160	23880	23939
AY278491	23880	23939
Query	23940	AAGCAATATGGCGAATGCCTAGGTGATATTAATGCTAGAGATCTCATTTGTGCGCAGAAG	23999
EA133160	23940	23999
AY278491	23940	23999
Query	24000	TTCAATGGACTTACAGTGTTGCCACCTCTGCTCACTGATGATATGATTGCTGCCTACACT	24059
EA133160	24000	24059
AY278491	24000	24059
Query	24060	GCTGCTCTAGTTAGTGGTACTGCCACTGCTGGATGGACATTTGGTGCTGGCGCTGCTCTT	24119
EA133160	24060	24119
AY278491	24060	24119
Query	24120	CAAATACCTTTTGCTATGCAAATGGCATATAGGTTCAATGGCATTGGAGTTACCCAAAAT	24179
EA133160	24120	24179
AY278491	24120	24179
Query	24180	GTTCTCTATGAGAACCAAAAACAAATCGCCAACCAATTTAACAAGGCGATTAGTCAAATT	24239
EA133160	24180	24239
AY278491	24180	24239
Query	24240	CAAGAATCACTTACAACAACATCAACTGCATTGGGCAAGCTGCAAGACGTTGTTAACCAG	24299
EA133160	24240	24299
AY278491	24240	24299
Query	24300	AATGCTCAAGCATTAAACACACTTGTTAAACAACCTTAGCTCTAATTTTGGTGCAATTTCA	24359
EA133160	24300	24359
AY278491	24300	24359
Query	24360	AGTGTGCTAAATGATATCCTTTTCGCGACTTGATAAAGTCGAGGCGGAGGTACAAATTGAC	24419
EA133160	24360	24419
AY278491	24360	24419
Query	24420	AGGTTAATTACAGGCAGACTTCAAAGCCTTCAAACCTATGTAACACAACAACATAATCAGG	24479
EA133160	24420	24479
AY278491	24420	24479
Query	24480	GCTGCTGAAATCAGGGCTTCTGCTAATCTTGCTGCTACTAAATGTCTGAGTGTGTTCTT	24539
EA133160	24480	24539
AY278491	24480	24539
Query	24540	GGACAATCAAAAAGAGTTGACTTTTGTGGAAGGGCTACCACCTTATGTCCTTCCCACAA	24599
EA133160	24540	24599
AY278491	24540	24599
Query	24600	GCAGCCCCGCATGGTGTGCTTCTTACATGTCACGTATGTGCCATCCCAGGAGAGGAAC	24659
EA133160	24600	24659
AY278491	24600	24659
Query	24660	TTCAACACAGCGCCAGCAATTTGTCTGAAGGCAAAGCATACTTCCCTCGTGAAGGTGTT	24719
EA133160	24660	24719
AY278491	24660	24719
Query	24720	TTTGTGTTTAAATGGCACTTCTTGTTTATTACACAGAGGAACCTCTTTTCTCCACAAATA	24779
EA133160	24720	24779
AY278491	24720	24779
Query	24780	ATTACTACAGACAATACATTTGTCTCAGGAAATGTGATGTCGTTATTGGCATCATTAAC	24839
EA133160	24780	24839
AY278491	24780	24839
Query	24840	AACACAGTTTATGATCCTCTGCAACCTGAGCTTACTCATTCAAAGAAGAGCTGGACAAG	24899
EA133160	24840	24899
AY278491	24840	24899

EXHIBIT C

Query	24900	TACTTCAAAAATCATACATCACCAGATGTTGATCTTGGCGACATTCAGGCATTAACGCT	24959
EA133160	24900	24959
AY278491	24900	24959
Query	24960	TCTGTCGTCAACATTCAAAAAGAAATTGACCGCCTCAATGAGGTCGCTAAAAATTTAAAT	25019
EA133160	24960	25019
AY278491	24960	25019
Query	25020	GAATCACTCATTGACCTTCAAGAATTGGGAAAAATATGAGCAATATATTAAATGGCCTTGG	25079
EA133160	25020	25079
AY278491	25020	25079
Query	25080	TATGTTTGGCTCGGCTTCATTGCTGGACTAATTGCCATCGTCATGGTTACAATCTTGCTT	25139
EA133160	25080	25139
AY278491	25080	25139
Query	25140	TGTTGCATGACTAGTTGTTGCAGTTGCCTCAAGGGTGCATGCTCTTGTTGGTTCTTGCTGC	25199
EA133160	25140	25199
AY278491	25140	25199
Query	25200	AAGTTTGATGAGGATGACTCTGAGCCAGTTCTCAAGGGTGTCAAATTACATTACACATAA	25259
EA133160	25200	25259
AY278491	25200	25259
Query	25260	ACGAACCTTATGGATTTGTTTATGAGATTTTTTACTCTTAGATCAATTACTGCACAGCCAG	25319
EA133160	25260	25319
AY278491	25260	25319
Query	25320	TAAAAATTGACAATGCTTCTCTGCAAGTACTGTTTCATGCTACAGCAACGATACCGCTAC	25379
EA133160	25320	25379
AY278491	25320	25379
Query	25380	AAGCCTCACTCCCTTTTCGGATGGCTTGTTATTGGCGTTGCATTTCTTGCTGTTTTTCAGA	25439
EA133160	25380	25439
AY278491	25380	25439
Query	25440	GCGCTACCAAAATAAATTGCGCTCAATAAAAGATGGCAGCTAGCCCTTTATAAGGGCTTCC	25499
EA133160	25440	25499
AY278491	25440	25499
Query	25500	AGTTCATTTGCAATTTACTGCTGCTATTTGTTACCATCTATTCACATCTTTTGCTTGTCG	25559
EA133160	25500	25559
AY278491	25500	25559
Query	25560	CTGCAGGTATGGAGGCGCAATTTTTGTACCTCTATGCCTTGATATATTTTCTACAATGCA	25619
EA133160	25560	25619
AY278491	25560	25619
Query	25620	TCAACGCATGTAGAATTATTATGAGATGTTGGCTTTGTTGGAAGTGCAAATCCAAGAACC	25679
EA133160	25620	25679
AY278491	25620	25679
Query	25680	CATTACTTTATGATGCCAACTACTTTGTTTGCTGGCACACACATAACTATGACTACTGTA	25739
EA133160	25680	25739
AY278491	25680	25739
Query	25740	TACCATATAACAGTGTCAACAGATACAATTGTCGTTACTGAAGGTGACGGCATTTC AACAC	25799
EA133160	25740	25799
AY278491	25740	25799
Query	25800	CAAACTCAAGAAGACTACCAAATTGGTGGTTATTCTGAGGATAGGCACTCAGGTGTTA	25859
EA133160	25800	25859
AY278491	25800	25859
Query	25860	AAGACTATGTCGTTGTACATGGCTATTTACCGAAGTTTACTACCAGCTTGAGTCTACAC	25919
EA133160	25860	25919
AY278491	25860	25919
Query	25920	AAATTACTACAGACACTGGTATTGAAAATGCTACATTCTTCATCTTTAACAAGCTTGTTA	25979
EA133160	25920	25979
AY278491	25920	25979
Query	25980	AAGACCCACCGAATGTGCAAATACACACAATCGACGGCTCTTCAGGAGTTGCTAATCCAG	26039
EA133160	25980	26039
AY278491	25980	26039
Query	26040	CAATGGATCCAATTTATGATGAGCCGACGACGACTACTAGCGTGCCTTTGTAAGCACAAAG	26099
EA133160	26040	26099
AY278491	26040	26099

EXHIBIT C

Query	26100	AAAGTGAGTACGAACCTTATGTACTCATTCGTTTCGGAAGAAACAGGTACGTTAATAGTTA	26159
EA133160	26100	26159
AY278491	26100	26159
Query	26160	ATAGCGTACTTCTTTTTCTTGCTTTTCGTGGTATTCTTGCTAGTCACACTAGCCATCCTTA	26219
EA133160	26160	26219
AY278491	26160	26219
Query	26220	CTGCGCTTCGATTGTGTGCGTACTGCTGCAATATTGTTAACGTGAGTTTAGTAAAACCAA	26279
EA133160	26220	26279
AY278491	26220	26279
Query	26280	CGGTTTACGTCTACTCGCGTGTTAAAAATCTGAACTCTTCTGAAGGAGTTCCTGATCTTC	26339
EA133160	26280	26339
AY278491	26280	26339
Query	26340	TGGTCTAAACGAACCTAACTATTATTATTATTCTGTTTGGAACCTTAACATTGCTTATCAT	26399
EA133160	26340	26399
AY278491	26340	26399
Query	26400	GGCAGACAACGGTACTATTACCGTTGAGGAGCTTAAACAACCTCCTGGAACAATGGAACCT	26459
EA133160	26400	26459
AY278491	26400	26459
Query	26460	AGTAATAGGTTTCCTATTCTAGCCTGGATTATGTTACTACAATTTGCCTATTCTAATCG	26519
EA133160	26460	26519
AY278491	26460	26519
Query	26520	GAACAGGTTTTTTGTACATAATAAAGCTTGTTTTCTCTGGCTCTTGTGGCCAGTAACACT	26579
EA133160	26520	26579
AY278491	26520	26579
Query	26580	TGCTTGTTTTGTGCTTGCTGCTGTCTACAGAATTAATTGGGTGACTGGCGGGATTGCGAT	26639
EA133160	26580	26639
AY278491	26580	26639
Query	26640	TGCAATGGCTTGATTGTAGGCTTGATGTGGCTTAGCTACTTCGTTGCTTCCTTCAGGCT	26699
EA133160	26640	26699
AY278491	26640	26699
Query	26700	GTTTGCTCGTACCCGCTCAATGTGGTCATTCAACCCAGAAACAAACATTCTTCTCAATGT	26759
EA133160	26700	26759
AY278491	26700	26759
Query	26760	GCCTCTCCGGGGGACAATTGTGACCAGACCGCTCATGGAAAGTGAACCTTGTCAATTGGTGC	26819
EA133160	26760	26819
AY278491	26760	26819
Query	26820	TGTGATCATTTCGTGGTCACTTGCGAATGGCCGGACACTCCCTAGGGCGCTGTGACATTAA	26879
EA133160	26820	26879
AY278491	26820	26879
Query	26880	GGACCTGCCAAAAGAGATCACTGTGGCTACATCACGAACGCTTTCTTATTACAAATTAGG	26939
EA133160	26880	26939
AY278491	26880	26939
Query	26940	AGCGTCGCAGCGTGTAGGCACTGATTCAGGTTTGTCTGCATACAACCGCTACCGTATTGG	26999
EA133160	26940	26999
AY278491	26940	26999
Query	27000	AAACTATAAATTAAATACAGACCACGCCGGTAGCAACGACAATATTGCTTTGCTAGTACA	27059
EA133160	27000	27059
AY278491	27000	27059
Query	27060	GTAAGTGACAACAGATGTTTCATCTTGTTGACTTCCAGGTTACAATAGCAGAGATATTGA	27119
EA133160	27060	27119
AY278491	27060	27119
Query	27120	TTATCATTATGAGGACTTTCAGGATTGCTATTTGGAATCTTGACGTTATAATAAGTTCAA	27179
EA133160	27120	27179
AY278491	27120	27179
Query	27180	TAGTGAGACAATTATTTAAGCCTCTAACTAAGAAGAATTATTCGGAGTTAGATGATGAAG	27239
EA133160	27180	27239
AY278491	27180	27239
Query	27240	AACCTATGGAGTTAGATTATCCATAAAACGAACATGAAAATTATTCTTCTTCTGACATTG	27299
EA133160	27240	27299
AY278491	27240	27299
Query	27300	ATTGTATTTACATCTTGCGAGCTATATCACTATCAGGAGTGTGTTAGAGGTACGACTGTA	27359

EXHIBIT C

EA133160	27300	27359
AY278491	27300	27359
Query	27360	CTACTAAAAGAACCTTGCCCATCAGGAACATACGAGGGCAATTCACCATTTACCCCTCTT	27419
EA133160	27360	27419
AY278491	27360	27419
Query	27420	GCTGACAATAAATTTGCACTAAGTTCAGTACACACACTTTGCTTTTGCTTGTGCTGAC	27479
EA133160	27420	27479
AY278491	27420	27479
Query	27480	GGTACTCGACATACCTATCAGCTGCGTGCAAGATCAGTTTCACCAAACTTTTCATCAGA	27539
EA133160	27480	27539
AY278491	27480	27539
Query	27540	CAAGAGGAGGTTCAACAAGAGCTCTACTCGCCACTTTTTCTCATTGTTGCTGCTCTAGTA	27599
EA133160	27540	27599
AY278491	27540	27599
Query	27600	TTTTTAATACTTTGCTTCACCATTAAGAGAAAGACAGAATGAATGAGCTCACTTTAATTG	27659
EA133160	27600	27659
AY278491	27600	27659
Query	27660	ACTTCTATTTGTGCTTTTTCAGCCTTCTGCTATTCCTTGTTTTAATAATGCTTATTATAT	27719
EA133160	27660	27719
AY278491	27660	27719
Query	27720	TTTGGTTTTCACTCGAAATCCAGGATCTAGAAGAACCTTGTAACAAAGTCTAAACGAACA	27779
EA133160	27720	27779
AY278491	27720	27779
Query	27780	TGAAACTTCTCATTGTTTGTGACTTGTATTTCTCTATGCAGTTGCATATGCACTGTAGTAC	27839
EA133160	27780	27839
AY278491	27780	27839
Query	27840	AGCGCTGTGCATCTAATAAACCTCATGTGCTTGAAGATCCTTGTAAGGTACAACACTAGG	27899
EA133160	27840	27899
AY278491	27840	27899
Query	27900	GGTAATACTTATAGCACTGCTTGGCTTTGTGCTCTAGGAAAGGTTTACCTTTTCATAGA	27959
EA133160	27900	27959
AY278491	27900	27959
Query	27960	TGGCACACTATGGTTCAAACATGCACACCTAATGTTACTATCAACTGTCAAGATCCAGCT	28019
EA133160	27960	28019
AY278491	27960	28019
Query	28020	GGTGGTGCCTTATAGCTAGGTGTTGGTACCTTCATGAAGGTCACCAAACTGCTGCATTT	28079
EA133160	28020	28079
AY278491	28020	28079
Query	28080	AGAGACGTACTTGTGTTTTAAATAAACGAACAAATTAAATGTCTGATAATGGACCCCA	28139
EA133160	28080	28139
AY278491	28080	28139
Query	28140	ATCAAACCAACGTAGTGCCCCCGCATTACATTTGGTGGACCCACAGATTCAACTGACAA	28199
EA133160	28140	28199
AY278491	28140	28199
Query	28200	TAACCAGAAATGGAGGACGCAATGGGGCAAGGCCAAAACAGCGCCGACCCCAAGGTTTACC	28259
EA133160	28200	28259
AY278491	28200	28259
Query	28260	CAATAATACTGCGTCTTGGTTCACAGCTCTCACTCAGCATGGCAAGGAGGAACCTTAGATT	28319
EA133160	28260	28319
AY278491	28260	28319
Query	28320	CCCTCGAGGCCAGGGCGTTCCAATCAACACCAATAGTGGTCCAGATGACCAAATTGGCTA	28379
EA133160	28320	28379
AY278491	28320	28379
Query	28380	CTACCGAAGAGCTACCCGACGAGTTCGTGGTGGTGACGGCAAAATGAAAGAGCTCAGCCC	28439
EA133160	28380	28439
AY278491	28380	28439
Query	28440	CAGATGGTACTTCTATTACCTAGGAAGTGGCCAGAAAGCTTCACCTCCCTACGGCGCTAA	28499
EA133160	28440	28499
AY278491	28440	28499
Query	28500	CAAAGAAGGCATCGTATGGGTTGCAACTGAGGGAGCCTTGAATACACCCAAAGACCACAT	28559
EA133160	28500	28559

AY278491	28500	28559
Query	28560	TGGCACCCGCAATCCTAATAACAATGCTGCCACCGTGCTACAACCTCCTCAAGGAACAAC	28619
EA133160	28560	28619
AY278491	28560	28619
Query	28620	ATTGCCAAAAGGCTTCTACGCAGAGGGAAGCAGAGCGGCAGTCAAGCCTCTTCTCGCTC	28679
EA133160	28620	28679
AY278491	28620	28679
Query	28680	CTCATCACGTAGTCGCGGTAATTCAAGAAATTCAACTCCTGGCAGCAGTAGGGGAAATTC	28739
EA133160	28680	28739
AY278491	28680	28739
Query	28740	TCCTGCTCGAATGGCTAGCGGAGGTGGTGAAACTGCCCTCGCGCTATTGCTGCTAGACAG	28799
EA133160	28740	28799
AY278491	28740	28799
Query	28800	ATTGAACCAGCTTGAGAGCAAAGTTTCTGGTAAAGGCCAACACAACAAGGCCAAACTGT	28859
EA133160	28800	28859
AY278491	28800	28859
Query	28860	CACTAAGAAATCTGCTGCTGAGGCATCTAAAAAGCCTCGCCAAAAACGTACTGCCACAAA	28919
EA133160	28860	28919
AY278491	28860	28919
Query	28920	ACAGTACAACGTCACTCAAGCATTTGGGAGACGTGGTCCAGAACAACCCAAGGAAATTT	28979
EA133160	28920	28979
AY278491	28920	28979
Query	28980	CGGGGACCAAGACCTAATCAGACAAGGAAGTATTACAAACATTGGCCGCAAATTGCACA	29039
EA133160	28980	29039
AY278491	28980	29039
Query	29040	ATTTGCTCCAAGTGCCTCTGCATTCTTTGGAATGTCACGCATTGGCATGGAAGTCACACC	29099
EA133160	29040	29099
AY278491	29040	29099
Query	29100	TTCGGAACATGGCTGACTTATCATGGAGCCATTAAATTGGATGACAAAGATCCACAATT	29159
EA133160	29100	29159
AY278491	29100	29159
Query	29160	CAAAGACAACGTCATACTGCTGAACAAGCACATTGACGCATACAAAACATTCCCACCAAC	29219
EA133160	29160	29219
AY278491	29160	29219
Query	29220	AGAGCCT#####GACTTGATGAAGCTCAGCCTTTGCCGCAGAGACA	29279
EA133160	29220	29279
AY278491	29220	29279
Query	29280	AAAGAAGCAGCCCACTGTGACTCTTCTTCCTGCGGCTGCATGGATGATTCTCCAGACA	29339
EA133160	29280	29339
AY278491	29280	29339
Query	29340	ACTTCAAAATTCCATGAGTGGAGCTTCTGCTGATTCAACTCAGGCATAAACTCATGAT	29399
EA133160	29340	29399
AY278491	29340	29399
Query	29400	GACCACACAAGGCAGATGGGCTATGTAAACGTTTTTCGCAATTCCGTTTACGATACATAGT	29459
EA133160	29400	29459
AY278491	29400	29459
Query	29460	CTACTCTTGTCGAGAATGAATTCTCGTAACTAAACAGCACAAAGTAGGTTTAGTTAACTTT	29519
EA133160	29460	29519
AY278491	29460	29519
Query	29520	AATCTCACATAGCAATCTTTAATCAATGTGTAACATTAGGGAGGACTTGAAAGAGCCACC	29579
EA133160	29520	29579
AY278491	29520	29579
Query	29580	ACATTTTCATCGAGGCCACGCGGAGTACGATCGAGGGTACAGTGAATAATGCTAGGGAGA	29639
EA133160	29580	29639
AY278491	29580	29639
Query	29640	GCTGCCTATATGGAAGAGCCCTAATGTGTAAAATTAATTTTAGTAGTGCTATCCCCATGT	29699
EA133160	29640	29699
AY278491	29640	29699
Query	29700	GATTTTAATAGCTTCTTAGGAGAATGAC#####	29742
EA133160	29700	29727
AY278491	29700	29742

EXHIBIT C

Select All Get selected sequences Distance tree of results Multiple alignment